

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



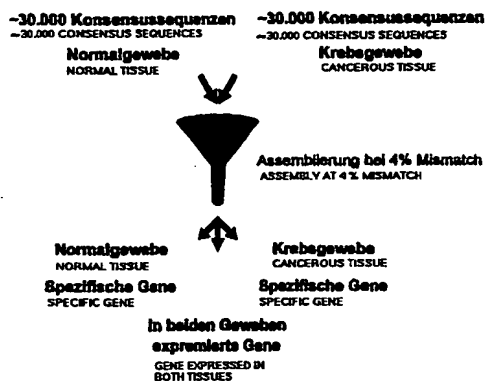
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C07K 14/47, C12N 15/10, 15/11, 15/12, 5/10, C07K 16/18, C12N 15/79	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54353 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01175 (22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 946.4 17. April 1998 (17.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL UTERUS TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS UTERUSNORMALGEWEBE

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
IN SILICO SUBTRACTION OF GENE EXPRESSION IN VARIOUS TISSUES



(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of normal uterus tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusnormalgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist der Uterustumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Uterustumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, die im Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Läng von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten

konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

5 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151.

10 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 aufweisen.

15 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 62 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

20 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

25 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

30 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

35 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können.

40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

45 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gen, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-62 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt

N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

- 5 minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen
- maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %
- 10

Erklärung der Abbildungen

- 15 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- 20 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- 25 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- 30 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusnormalgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 27 gefunden, die 6,7 .x stärker im normalen Uterusmyometrium als im Myomgewebe vorkommt und das humane gas 1 Gen darstellt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef

	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
5	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
15	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
20	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
25	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
30	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0979			
35	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			
45					

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
55	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
60	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
65	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef

	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
5	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0000			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
15	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
20	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
25	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
30	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
35	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0124			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
60	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0089	0.0041	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0025	4.7547	0.2103
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn 0.0044	0.0010	4.3198	0.2315
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0017			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
60	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0246			
	Nerven 0.0070			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0031	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0020	5.0803	0.1968
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0275	0.1156	8.6471
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0094	1.0888	0.9184
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0201	0.7642	1.3086
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0103	0.0144	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529	2.8338
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0123	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0196	0.0234	0.8375	1.1940
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0157			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0456			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0150	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0428	0.0060	7.1388	0.1401
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust 0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0050	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0067	0.0072	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0131	0.0085	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0101			
55	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0076			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
60	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0050			
	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0281	1.9415	0.5151
	Brust	0.0397	0.0169	2.3440	0.4266
	Duenndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0599	0.0312	1.9188	0.5212
	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0226	2.1132	0.4732
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0416	0.3221	3.1043
	Gehirn	0.0163	0.0205	0.7920	1.2627
	Haematopoetisch	0.0361	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0518	0.0000	undef
15	Herz	0.0159	0.0412	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0114	0.0225	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0360	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0149	0.0497	0.2991	3.3428
	Penis	0.0449	0.0800	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0305	0.0405	0.7543	1.3258
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0532			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0639			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0472			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0557			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0198			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.1253			
	Haut-Muskel	0.0745			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
65	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0204	3.0509	0.3278
	Brust	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0536	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.1198	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0277	1.7323	0.5773
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0272	3.6474	0.2742
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0500			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust 0.0166	0.0376	0.4423	2.2607
	Duennndarm 0.0399	0.0331	1.2049	0.8299
	Eierstock 0.0270	0.0546	0.4934	2.0268
	Endokrines_Gewebe 0.0341	0.0075	4.5283	0.2208
10	Gastrointestinal 0.0441	0.0278	1.5877	0.6299
	Gehirn 0.0140	0.0288	0.4885	2.0469
	Haematopoetisch 0.0361	0.0758	0.4764	2.0991
	Haut 0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz 0.0244	0.1375	0.1773	5.6394
	Hoden 0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge 0.0447	0.0470	0.9498	1.0528
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0274	0.0300	0.9138	1.0944
20	Niere 0.0516	0.0342	1.5068	0.6637
	Pankreas 0.0215	0.0221	0.9722	1.0286
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0458	0.0277	1.6535	0.6048
	Uterus_Endometrium 0.0608	0.2111	0.2881	3.4714
25	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128			
	Prostata-Hyperplasie 0.0595			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1006			
	Zervix 0.0000			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0417			
	Gastrointestinal 0.0222			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0157			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0036			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0545			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0151			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0194			
60	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0060			
	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0179	0.0150	1.1909	0.8397
	Duenn darm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0419	0.0208	2.0147	0.4964
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0067	0.0236	0.2817	3.5496
	Haematopoetisch	0.0361	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.1695	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0468	0.1230	8.1305
	Lunge	0.0145	0.0143	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0120	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0149	0.0387	0.3846	2.6000
	Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893
	Prostata	0.0392	0.0490	0.8011	1.2483
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0068	7.8559	0.1273
	Uterus_allgemein	0.0611	0.0954	0.6405	1.5613
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0213			
FOETUS					
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0354			
40	Haut	0.5025			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0217	0.0094	2.3138	0.4322
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0111	0.0082	1.3499	0.7408
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0312	0.0123	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
FOETUS					
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0507			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0613	0.9534	1.0489
	Brust	0.0307	0.0789	0.3889	2.5715
	Duenn darm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0479	0.0364	1.3157	0.7600
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0627	0.8423	1.1873
10	Gastrointestinal	0.0326	0.0509	0.6401	1.5623
	Gehirn	0.0407	0.0575	0.7071	1.4142
	Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333	0.0518	0.6434	1.5543
15	Herz	0.0477	0.0825	0.5782	1.7294
	Hoden	0.0518	0.0585	0.8856	1.1292
	Lunge	0.0602	0.0368	1.6370	0.6109
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0613	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0325	0.0240	1.3564	0.7373
20	Niere	0.0299	0.0479	0.6231	1.6049
	Pankreas	0.0182	0.0442	0.4113	2.4312
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0436	0.0660	0.6604	1.5142
	Uterus_Endometrium	0.1284	0.7916	0.1622	6.1662
25	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713
	Uterus_allgemein	0.0611	0.0954	0.6405	1.5613
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0319			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0611			
	Gehirn	0.0688			
	Haematopoetisch	0.0551			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0556			
	Placenta	0.1272			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0126			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0786			
	Gastrointestinal	0.0732			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0778			
60	Hoden	0.1080			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0402			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0387			
65	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1560	0.0460	3.3899	0.2950
	Brust	0.1113	0.0414	2.6912	0.3716
	Duennndarm	0.0491	0.0165	2.9659	0.3372
	Eierstock	0.0629	0.0416	1.5110	0.6618
	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0527	0.6469	1.5458
10	Gastrointestinal	0.0824	0.0139	5.9364	0.1685
	Gehirn	0.0140	0.0585	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1689	0.0847	1.9927	0.5018
	Hepatisch	0.0904	0.0259	3.4927	0.2863
15	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0592	0.0286	2.0684	0.4835
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0891	0.1080	0.8249	1.2122
20	Niere	0.0407	0.0137	2.9739	0.3363
	Pankreas	0.0248	0.0166	1.4957	0.6686
	Penis	0.0629	0.0267	2.3586	0.4240
	Prostata	0.1700	0.0873	1.9474	0.5135
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0528	0.3841	2.6035
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.1040			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.1059			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.2150			
	Zervix	0.2555			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0361			
	Nebenniere	0.0507			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0377			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0181			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0774			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0665	1.1147	0.8971
	Brust	0.0384	0.0376	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0307	0.0662	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0389	0.0182	2.1380	0.4677
	Endokrines Gewebe	0.0715	0.0978	0.7315	1.3671
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0139	1.9328	0.5174
	Gehirn	0.1878	0.2331	0.8056	1.2413
	Haematopoetisch	0.0241	0.0379	0.6352	1.5743
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0761	0.0776	0.9804	1.0200
15	Herz	0.0212	0.2474	0.0857	11.6735
	Hoden	0.1496	0.0351	4.2638	0.2345
	Lunge	0.0229	0.0204	1.1177	0.8947
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.1370	0.0600	2.2844	0.4378
20	Niere	0.0299	0.0274	1.0904	0.9171
	Pankreas	0.0297	0.0166	1.7949	0.5571
	Penis	0.0569	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0588	0.0447	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1525	0.0204	7.4818	0.1337
	Uterus_allgemein	0.0407	0.1908	0.2135	4.6839
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.2314			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0745			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0417			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0816			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.2025			
55	Endokrines Gewebe	0.0979			
	Foetal	0.0361			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0653			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0542			
65	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0273		0.0537		0.5085	1.9666
	Brust	0.0256		0.0376		0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0337		0.0496		0.6797	1.4713
	Eierstock	0.0180		0.0208		0.8634	1.1582
	Endokrines_Gewebe	0.0221		0.0276		0.8027	1.2457
10	Gastrointestinal	0.0230		0.0139		1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0214		0.0349		0.6141	1.6284
	Haematopoetisch	0.0374		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0453		0.0000	undef
15	Herz	0.0477		0.0412		1.1565	0.8647
	Hoden	0.0173		0.0117		1.4759	0.6775
	Lunge	0.0229		0.0143		1.5967	0.6263
	Magen-Speiserohre	0.0193		0.0230		0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0308		0.0360		0.8567	1.1673
20	Niere	0.0109		0.0137		0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0231		0.0994		0.2327	4.2979
	Penis	0.0180		0.0533		0.3369	2.9678
	Prostata	0.0610		0.0873		0.6991	1.4305
	Uterus_Endometrium	0.0878		0.2111		0.4161	2.4032
25	Uterus_Myometrium	0.0838		0.0272		3.0862	0.3240
	Uterus_allgemein	0.0560		0.0954		0.5871	1.7032
	Brust-Hyperplasie	0.0256					
	Prostata-Hyperplasie	0.0297					
	Samenblase	0.0445					
30	Sinnesorgane	0.0941					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147					
	Zervix	0.0319					
FOETUS							
35	Entwicklung	0.0278					
	Gastrointestinal	0.0583					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0197					
40	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0253					
	Nebenniere	0.0000					
45	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0667					
	Prostata	0.0499					
	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
50		%Haeufigkeit					
	Brust	0.1497					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.1418					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0210					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0171					
	Haut-Muskel	0.0648					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0100					
	Prostata	0.0547					
	Sinnesorgane	0.0077					
65	Uterus_n	0.0333					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0077	5.5933	0.1788
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0137	0.6168	1.6213
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0136	7.2947	0.1371
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0036			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0844	1.0170	0.9833
	Brust	0.0972	0.1053	0.9236	1.0828
	Duennndarm	0.0766	0.0496	1.5447	0.6474
	Eierstock	0.1677	0.0676	2.4796	0.4033
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0602	0.8774	1.1398
10	Gastrointestinal	0.0843	0.1573	0.5360	1.8657
	Gehirn	0.0791	0.1171	0.6758	1.4798
	Haematopoetisch	0.1043	0.0758	1.3762	0.7266
	Haut	0.0734	0.0847	0.8664	1.1542
	Hepatisch	0.0285	0.1423	0.2005	4.9866
15	Herz	0.0774	0.0550	1.4070	0.7107
	Hoden	0.0460	0.1286	0.3578	2.7949
	Lunge	0.0582	0.0634	0.9177	1.0896
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0920	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0702	0.1500	0.4683	2.1354
20	Niere	0.0380	0.1232	0.3084	3.2425
	Pankreas	0.0578	0.1988	0.2908	3.4383
	Penis	0.0419	0.0533	0.7862	1.2719
	Prostata	0.1351	0.1277	1.0577	0.9454
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1525	0.0679	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.1579	0.1908	0.8273	1.2088
	Brust-Hyperplasie	0.0767			
	Prostata-Hyperplasie	0.1367			
	Samenblase	0.1157			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0850			
	Zervix	0.0958			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.1138			
	Gehirn	0.1439			
40	Haematopoetisch	0.0472			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0569			
	Lunge	0.0939			
45	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.1112			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0211			
	Prostata	0.0889			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0230	0.0150	1.5312	0.6531
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0201	0.4245	2.3555
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0257	0.2304	4.3405
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0229	0.0286	0.7983	1.2526
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0109	0.0411	0.2643	3.7829
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0327	0.0213	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1119			
	Zervix	0.0319			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.1268			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0929			
65	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
FOETUS					
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1418			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
60	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0468	0.0690	0.6780	1.4750
	Brust	0.0153	0.0113	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.2417	0.1489	1.6236	0.6159
	Haematopoetisch	0.0388	0.0379	1.0234	0.9772
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0710	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.4430	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0686	0.0470	1.4578	0.6859
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
20	Niere	0.0299	0.0411	0.7270	1.3756
	Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.1547	0.0596	2.5956	0.3853
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1143	0.0340	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0611	0.5725	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.1962			
	Samenblase	0.2492			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.2768			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0438			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0512			
	Prostata	0.0547			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0537	1.0170	0.9833
	Brust	0.0473	0.0207	2.2890	0.4369
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0104	2.0147	0.4964
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0226	0.5283	1.8928
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0231	0.9112	1.0975
	Gehirn	0.0067	0.0246	0.2700	3.7039
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0343	0.0020	16.7651	0.0596
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0420	0.4895	2.0428
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0458	0.0426	1.0748	0.9304
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.1908	0.0801	12.4905
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0720			
	Zervix	0.0319			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0502			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0748			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0179	0.4358	2.2944
	Brust 0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duennndarm 0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock 0.0060	0.0130	0.4605	2.1715
	Endokrines_Gewebe 0.0221	0.0201	1.1038	0.9060
10	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn 0.0185	0.0267	0.6923	1.4445
	Haematopoetisch 0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz 0.0117	0.0137	0.8481	1.1791
	Hoden 0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
	Lunge 0.0052	0.0164	0.3175	3.1494
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0120	1.4278	0.7004
20	Niere 0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0106			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0111			
	Gehirn 0.0125			
	Haematopoetisch 0.0236			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0534			
	Lunge 0.0145			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0364			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0557			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0105			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0130			
60	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0080			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195		0.0128		1.5254	0.6555
	Brust	0.0153		0.0150		1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0123		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0210		0.0234		0.8954	1.1168
	Endokrines Gewebe	0.0136		0.0100		1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038		0.0231		0.1657	6.0362
	Gehirn	0.0126		0.0175		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0107		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0143		0.0065		2.2059	0.4533
15	Herz	0.0106		0.0137		0.7710	1.2971
	Hoden	0.0288		0.0351		0.8200	1.2196
	Lunge	0.0125		0.0041		3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103		0.0120		0.8567	1.1673
20	Niere	0.0163		0.0137		1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0066		0.0276		0.2393	4.1785
	Penis	0.0150		0.0267		0.5616	1.7807
	Prostata	0.0087		0.0064		1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0270		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0762		0.0068		11.2227	0.0891
	Uterus_allgemein	0.0102		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0197					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0253					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0247					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0068					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0506					
55	Endokrines Gewebe	0.0490					
	Foetal	0.0181					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0228					
	Haut-Muskel	0.0292					
60	Hoden	0.0309					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0060					
	Prostata	0.0205					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0179	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0075	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0096	0.0113	0.8509	1.1753
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0085	0.0137	0.6168	1.6213
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0426			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefasse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1224			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0759			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0077	5.5933	0.1788
	Brust	0.0217	0.0432	0.5030	1.9881
	Duenn darm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0419	0.0208	2.0147	0.4964
	Endokrines Gewebe	0.0307	0.0276	1.1115	0.8997
10	Gastrointestinal	0.0345	0.0370	0.9319	1.0731
	Gehirn	0.0192	0.0257	0.7488	1.3355
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0129	3.3088	0.3022
15	Herz	0.0223	0.0137	1.6190	0.6176
	Hoden	0.0173	0.0351	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0374	0.0348	1.0758	0.9295
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0540	0.5076	1.9699
20	Niere	0.0353	0.0068	5.1548	0.1940
	Pankreas	0.0215	0.0166	1.2963	0.7714
	Penis	0.0509	0.0533	0.9547	1.0475
	Prostata	0.0262	0.0277	0.9449	1.0583
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561	3.9053
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0136	3.9279	0.2546
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0213			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0472			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0780			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0494			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0251			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0171			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0464			
65	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.4367	0.1227	3.5594	0.2809
	Brust 0.0256	0.0320	0.8006	1.2490
	Duenndarm 0.1104	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0569	0.0260	2.1874	0.4572
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.1150	0.0139	8.2834	0.1207
	Gehirn 0.0074	0.0216	0.3428	2.9168
	Haematopoetisch 0.0267	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0285	0.0518	0.5515	1.8133
15	Herz 0.0763	0.0412	1.8503	0.5404
	Hoden 0.0748	0.0117	6.3957	0.1564
	Lunge 0.0416	0.0245	1.6934	0.5905
	Magen-Speiseroehre 0.1546	0.0690	2.2409	0.4462
	Muskel-Skelett 0.0240	0.0360	0.6663	1.5009
20	Niere 0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0017	0.1657	0.0100	100.2850
	Penis 0.2605	0.0800	3.2571	0.3070
	Prostata 0.1242	0.1256	0.9889	1.0112
	Uterus_Endometrium 0.2838	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.3201	0.1087	2.9459	0.3394
	Uterus_allgemein 0.2292	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0288			
	Prostata-Hyperplasie 0.0951			
	Samenblase 0.3382			
30	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0295			
	Zervix 0.1278			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0805			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0275			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0361			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0309			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0499			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0272			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0304			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0854			
	Haematopoetisch 0.0228			
	Haut-Muskel 0.0097			
60	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0491			
	Nerven 0.0020			
	Prostata 0.0410			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.1582			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0179	0.6538	1.5296
	Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0182	0.4934	2.0268
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0074	0.0154	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0507	0.0613	0.8263	1.2102
	Brust	0.0294	0.0395	0.7453	1.3417
	Duennndarm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479	0.0468	1.0233	0.9772
	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0301	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0740	0.3624	2.7594
	Gehirn	0.0281	0.0534	0.5261	1.9007
	Haematopoetisch	0.0227	0.0379	0.5999	1.6669
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0323	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0435	0.0275	1.5805	0.6327
	Hoden	0.0230	0.1637	0.1406	7.1142
	Lunge	0.0623	0.0716	0.8709	1.1482
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017
20	Niere	0.0407	0.0137	2.9739	0.3363
	Pankreas	0.0215	0.0884	0.2431	4.1143
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713
	Uterus_allgemein	0.0306	0.6679	0.0457	21.8583
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.1513			
30	Sinnesorgane	0.1176			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0528			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0315			
40	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0462			
	Lunge	0.0542			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0927			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0292			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0256		0.4576	2.1852
	Brust	0.0205		0.0132		1.5555	0.6429
	Duenn darm	0.0337		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0030		0.0026		1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0051		0.0100		0.5094	1.9630
10	Gastrointestinal	0.0153		0.0046		3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0074		0.0154		0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0241		0.0379		0.6352	1.5743
	Haut	0.0551		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0129		0.3676	2.7200
15	Herz	0.0244		0.0825		0.2955	3.3836
	Hoden	0.0115		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0478		0.0307		1.5580	0.6419
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.1233		0.0120		10.2798	0.0973
20	Niere	0.0054		0.0068		0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066		0.0497		0.1330	7.5214
	Penis	0.0210		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0218		0.0064		3.4121	0.2931
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0238					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0356					
	Zervix	0.0213					
35	Entwicklung	0.0278					
	Gastrointestinal	0.0139					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
40	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
45	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	Brust	0.0272					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0268					
55	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0162					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
60	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0125					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0077		1.0170	0.9833
	Brust	0.0051		0.0038		1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0075		0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0022		0.0031		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0011		0.0137		0.0771	12.9706
	Hoden	0.0173		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0052		0.0020		2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8567	1.1673
20	Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0044		0.0085		0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0381		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0222					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0072					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0126					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0204					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0456					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0058					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0065					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0232					
65	Uterus_n	0.0208					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.1074	0.5085	1.9666
	Brust	0.0563	0.0470	1.1977	0.8349
	Duendarm	0.1380	0.0331	4.1708	0.2398
	Eierstock	0.0539	0.0650	0.8289	1.2064
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0351	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.1322	0.1758	0.7520	1.3297
	Gehirn	0.0229	0.0452	0.5072	1.9714
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1652	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0518	0.5515	1.8133
15	Herz	0.1166	0.1649	0.7067	1.4150
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.1049	0.1329	0.7894	1.2668
	Magen-Speiserohre	0.1353	0.0613	2.2059	0.4533
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0240	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0570	0.0753	0.7570	1.3210
	Pankreas	0.0165	0.1491	0.1108	9.0256
	Penis	0.0749	0.0267	2.8079	0.3561
	Prostata	0.0610	0.0234	2.6056	0.3838
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0340	2.9179	0.3427
	Uterus_allgemein	0.0509	0.1908	0.2669	3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0616			
	Zervix	0.1810			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0275			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0976			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.1802			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0792	0.8365	1.1954
	Brust	0.0780	0.1259	0.6196	1.6140
	Duennndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0449	0.0260	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0664	0.0853	0.7791	1.2835
10	Gastrointestinal	0.0805	0.0370	2.1744	0.4599
	Gehirn	0.0407	0.0924	0.4400	2.2729
	Haematopoetisch	0.0495	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0734	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.1165	0.2042	4.8960
15	Herz	0.0445	0.0687	0.6476	1.5441
	Hoden	0.0403	0.0585	0.6888	1.4519
	Lunge	0.1184	0.1329	0.8910	1.1223
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0997	0.5818	1.7188
	Muskel-Skelett	0.0634	0.0660	0.9605	1.0411
20	Niere	0.0679	0.2396	0.2832	3.5307
	Pankreas	0.0182	0.0939	0.1936	5.1662
	Penis	0.0180	0.1333	0.1348	7.4196
	Prostata	0.0501	0.0681	0.7357	1.3592
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0610	0.0068	8.9781	0.1114
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0979			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1665			
	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0204			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.1392			
	Nerven	0.0171			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0619			
65	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0409	0.3814	2.6222
	Brust	0.0243	0.0376	0.6465	1.5468
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0210	0.0286	0.7326	1.3650
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0376	0.7245	1.3802
10	Gastrointestinal	0.0326	0.0370	0.8801	1.1362
	Gehirn	0.0207	0.0534	0.3877	2.5795
	Haematopoetisch	0.0267	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999
15	Herz	0.0551	0.0275	2.0045	0.4989
	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0436	0.0552	0.7903	1.2654
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0077	6.3027	0.1587
	Muskel-Skelett	0.0257	0.0660	0.3894	2.5681
20	Niere	0.0136	0.0342	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0099	0.0276	0.3590	2.7857
	Penis	0.0210	0.0267	0.7862	1.2719
	Prostata	0.0327	0.0319	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0136	3.9279	0.2546
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.1068			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0486			
	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0393			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0658			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0204			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
60	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0507	0.0716	0.7082	1.4119
	Brust	0.0895	0.0827	1.0827	0.9237
	Duennndarm	0.0583	0.0331	1.7610	0.5679
	Eierstock	0.1587	0.1509	1.0520	0.9506
	Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0677	0.8553	1.1691
10	Gastrointestinal	0.0747	0.1619	0.4615	2.1668
	Gehirn	0.0377	0.0791	0.4769	2.0971
	Haematopoetisch	0.0762	0.0758	1.0057	0.9943
	Haut	0.0477	0.4237	0.1126	8.8784
	Hepatisch	0.0190	0.0841	0.2262	4.4200
15	Herz	0.0689	0.0550	1.2528	0.7982
	Hoden	0.0288	0.2105	0.1367	7.3174
	Lunge	0.0499	0.1063	0.4690	2.1324
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0960	0.3569	2.8016
20	Niere	0.0652	0.1164	0.5598	1.7864
	Pankreas	0.0463	0.0718	0.6443	1.5520
	Penis	0.0749	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0894	0.0958	0.9326	1.0722
	Uterus_Endometrium	0.0743	0.1055	0.7042	1.4201
25	Uterus_Myometrium	0.0686	0.1290	0.5316	1.8811
	Uterus_allgemein	0.1273	0.3817	0.3336	2.9977
	Brust-Hyperplasie	0.0863			
	Prostata-Hyperplasie	0.1338			
	Samenblase	0.1691			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0451			
	Zervix	0.0532			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0835			
	Gastrointestinal	0.1000			
	Gehirn	0.1001			
	Haematopoetisch	0.0433			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0569			
	Lunge	0.0903			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0865			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1638	0.0486	3.3720	0.2966
	Brust	0.2149	0.1015	2.1172	0.4723
	Duendarm	0.0705	0.0331	2.1317	0.4691
	Eierstock	0.2306	0.0416	5.5404	0.1805
	Endokrines Gewebe	0.0801	0.0251	3.1925	0.3132
10	Gastrointestinal	0.0881	0.1110	0.7938	1.2597
	Gehirn	0.0606	0.0472	1.2834	0.7792
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.2166	0.0847	2.5559	0.3913
	Hepatisch	0.0666	0.0259	2.5735	0.3886
15	Herz	0.1293	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0920	0.0468	1.9679	0.5082
	Lunge	0.1226	0.0593	2.0672	0.4838
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0920	0.5252	1.9040
	Muskel-Skelett	0.2073	0.2700	0.7678	1.3024
20	Niere	0.1032	0.0068	15.0677	0.0664
	Pankreas	0.0281	0.0663	0.4238	2.3596
	Penis	0.1377	0.0267	5.1665	0.1936
	Prostata	0.0479	0.0277	1.7323	0.5773
	Uterus_Endometrium	0.0878	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1906	0.1494	1.2753	0.7841
	Uterus_allgemein	0.3310	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.2782			
	Prostata-Hyperplasie	0.0981			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.1491			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.2783			
	Gastrointestinal	0.0833			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0275			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0889			
	Lunge	0.1012			
	Nebenniere	0.1268			
45	Niere	0.0432			
	Placenta	0.2969			
	Prostata	0.1496			
	Sinnesorgane	0.0502			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
	Eierstock_n	0.7974			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0641			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0191			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.2613	0.2147	1.2167	0.8219
	Brust	0.2085	0.1767	1.1801	0.8474
	Duennndarm	0.1349	0.2150	0.6274	1.5939
	Eierstock	0.1587	0.1405	1.1299	0.8850
	Endokrines_Gewebe	0.2146	0.1204	1.7830	0.5608
10	Gastrointestinal	0.2088	0.1573	1.3278	0.7531
	Gehirn	0.1974	0.1776	1.1112	0.9000
	Haematopoetisch	0.1003	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0714	0.0906	0.7878	1.2693
15	Herz	0.2173	0.3574	0.6079	1.6450
	Hoden	0.0805	0.1169	0.6888	1.4519
	Lunge	0.1195	0.2433	0.4910	2.0368
	Magen-Speiserohre	0.1643	0.1150	1.4286	0.7000
	Muskel-Skelett	0.1422	0.2400	0.5925	1.6877
20	Niere	0.1385	0.2396	0.5778	1.7307
	Pankreas	0.1487	0.1767	0.8414	1.1886
	Penis	0.1347	0.0267	5.0542	0.1979
	Prostata	0.1831	0.2385	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.2973	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.2134	0.1630	1.3093	0.7638
	Uterus_allgemein	0.2037	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.2430			
	Prostata-Hyperplasie	0.1486			
	Samenblase	0.1958			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.2315			
	Zervix	0.0745			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.1250			
	Gehirn	0.0751			
	Haematopoetisch	0.1022			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.1174			
	Lunge	0.1806			
	Nebenniere	0.0761			
45	Niere	0.1915			
	Placenta	0.2666			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0251			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.4785			
	Eierstock_t	0.0456			
55	Endokrines_Gewebe	0.0979			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0901			
	Nerven	0.0592			
	Prostata	0.3146			
	Sinnesorgane	0.0232			
65	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1131	0.1534	0.7373	1.3563
	Brust	0.1215	0.1165	1.0427	0.9590
	Duenn darm	0.1594	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.2935	0.1405	2.0893	0.4786
	Endokrines Gewebe	0.0801	0.0928	0.8628	1.1590
10	Gastrointestinal	0.1379	0.1897	0.7273	1.3749
	Gehirn	0.0495	0.1540	0.3216	3.1096
	Haematopoetisch	0.1417	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0991	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333	0.2006	0.1660	6.0228
15	Herz	0.1304	0.1237	1.0537	0.9491
	Hoden	0.0805	0.1520	0.5298	1.8874
	Lunge	0.0800	0.1615	0.4952	2.0195
	Magen-Speiserohre	0.0966	0.1303	0.7415	1.3486
	Muskel-Skelett	0.0651	0.0540	1.2057	0.8294
20	Niere	0.0462	0.1643	0.2809	3.5604
	Pankreas	0.0892	0.1325	0.6731	1.4857
	Penis	0.1497	0.0800	1.8719	0.5342
	Prostata	0.1286	0.1022	1.2582	0.7948
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1677	0.1698	0.9876	1.0126
	Uterus_allgemein	0.1222	0.0954	1.2810	0.7807
	Brust-Hyperplasie	0.1599			
	Prostata-Hyperplasie	0.2348			
	Samenblase	0.3738			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0642			
	Zervix	0.0852			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.2388			
	Gehirn	0.2377			
	Haematopoetisch	0.1140			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0996			
	Lunge	0.2348			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.1668			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.1995			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0608			
55	Endokrines Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.1025			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0615			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0195	0.0070	2.7658	0.3616
	Brust	0.0132	0.0084	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0053	0.0000	undef
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0132	0.0078	1.6882	0.5923
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0222	0.0046	4.8192	0.2075
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0493			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0077	0.0028	2.6911	0.3716
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0047	0.0026	1.8088	0.5529
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0108	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0062	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0019	5.9354	0.1685
	Gehirn	0.0048	0.0010	4.8361	0.2068
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0108	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
	Brust	0.0123	0.0126	0.9741	1.0266
	Dickdarm	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0048	1.8665	0.5358
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0052	0.0100	0.5222	1.9149
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0092	0.4210	2.3755
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0514	0.0037	13.9166	0.0719
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6855
	Prostata	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0163	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0574	0.0272	2.1155	0.4727
	Blase	0.0585	0.0329	1.7780	0.5624
	Brust	0.0466	0.0141	3.3189	0.3013
	Dickdarm	0.0153	0.0285	0.5382	1.8579
	Duenndarm	0.0357	0.0107	3.3495	0.2986
10	Eierstock	0.0623	0.0310	2.0101	0.4975
	Endokrines_Gewebe	0.0482	0.0284	1.6975	0.5891
	Gehirn	0.0139	0.0259	0.5356	1.8670
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0444	0.1046	9.5570
15	Herz	0.0183	0.0550	0.3323	3.0096
	Hoden	0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
	Lunge	0.0117	0.0203	0.5741	1.7420
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0320	0.9068	1.1027
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0222	0.6958	1.4371
20	Niere	0.0112	0.0048	2.3212	0.4308
	Pankreas	0.0198	0.0552	0.3590	2.7856
	Prostata	0.0311	0.0260	1.1938	0.8377
	T_Lymphom	0.0556	0.0448	1.2398	0.8066
	Uterus	0.0473	0.0046	10.281	0.0973
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0253	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0374			
	Penis	0.0402			
	Samenblase	0.0633			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0666			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0551			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
55	Foetal	0.0220			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0745			
	Hoden_n	0.0042			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0428			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0624	0.0188	3.3190	0.3013
	Brust	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0575	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0329	0.0426	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0148	0.0024	6.2217	0.1607
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0053	0.0000	undef
	Gehirn	0.0023	0.0040	0.5803	1.7234
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0232	0.0063	3.6622	0.2731
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0362	0.0192	1.8892	0.5293
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0415	0.0195	2.1223	0.4712
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0547	0.0184	2.9719	0.3365
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.1260			
	Samenblase	0.0422			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0081			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0315			
	Prostata_n	0.0303			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusnormalgewebe gefunden werden.

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusnormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem Kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen

Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

5

Referenzen zu den Modulen:

- 10 Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)
PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (<http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>)

15

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Expression im Uterus-Normalgewebe:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
1	erhöht	Chicken mRNA for leucine zipper protein		1780	17q11.2-q21.31	D17S800-D17S791
2	erhöht	unbekannt		1637	5q32-q33.1	D5S470-D5S410
3	erhöht	unbekannt		619		
4	erhöht	Brachydanio rerio growth-associated protein		422		
5	erhöht	unbekannt	"trypsin"	1194		
6	erhöht	unbekannt		231		
7	erhöht	unbekannt		1776	Xp11.23-p21.1	DXS1201-DXS1039
8	erhöht	unbekannt		1242	19q13.2	D19S224-D19S421
9	erhöht	unbekannt		553	1q21.2-q22	D1S305-D1S2635
10	erhöht	Human PAC clone DJ515N1 from 22q11.2-q22		1246	22q12.3-q13.1	
11	erhöht	Rattus norvegicus 71 kDa component of rsec6/8 secretory complex p71		1721	14q22.3	WI-6414
12	erhöht	unbekannt	2x "EGF"	1074		
13	erhöht	unbekannt		194	13	D1S305-D1S2635
14	erhöht	unbekannt		218	5q32-q33.1	D5S1838
15	erhöht	S. pombe chromosome I cosmid c1B3		746	8q	D8S1836-qTel
16	erhöht	Human angiotensinogen-1 Homolog	"fibrinogen_C"	2784	9q33.3-q34.11	D9S282-D9S260
17	erhöht	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87		806	X	DXS366 and DXS87
18	erhöht	S. cerevisiae chromosome XVI, left arm DNA; P2610		1534		
19	erhöht	unbekannt	"vwc"	807		
20	erhöht	unbekannt		3389	4q28.1-q31.1	D4S1580-D4S427
21	erhöht	H.sapiens gene for spermidine/spermine N1-acetyltransferase		1919	Xp21.3-p22.11	
22	erhöht	Human MHC protein homologous to chicken B complex protein	"G-beta"	280		
23	erhöht	Human 1-8U gene		451		
24	erhöht	Human BTG1	"Anti_proliferat"	1011		
25	erhöht	H.sapiens mRNA for HLA-E heavy chain		302		
26	erhöht	Human ADP-ribosylation factor 1	"arf"	1931	1q41	SHGC-9863
27	erhöht	Human gas1		1464		

Sequenz ID No.:	Expression im Uterus- Normalgewebe:	Funktion	Module	Länge der angemeldete n Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
28	erhöht	Human cellular oncogene c-fos	"bZIP"	2103	14q23.3	D14s76
29	erhöht	Human apolipoprotein J	"Clusterin"	975	8p21.3-p21.2	D8S1089
30	erhöht	Human high density lipoprotein binding protein (HBP)	9x "KH-domain"	3061	2q37.3	SHGC-8022
32	erhöht	H.sapiens gene encoding ketohexokinase	"COILS", "COLLAGEN_ REP"	2592		
33	erhöht	Human 80K-H protein (kinase C substrate)	"COILS"	884		
34	erhöht	Human Insulinoma gene	"S19"	493		
35	erhöht	H.sapiens CL 100 mRNA for protein tyrosine phosphatase	"Rhodanese", "DSPC"	913		
36	erhöht	Human alternatively spliced CUTL1	"COILS"	1917	7q22.1-q31.31	D7S658
37	erhöht	Human apM2 mRNA for GS2374		518		
38	erhöht	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homolog	2x "wap"	634	20q13.2-q13.13	
39	erhöht	Human prostaglandin D synthase	"lipocalin"	879	9q34.13-q34.3	D9S158
40	erhöht	Human breast epithelial antigen BA46	"EGF", 2x "F5_F8_type_C"	2015		
41	erhöht	Human mRNA for early growth response protein 1 (hEGR1)	3x "zf-C2H2"	732	5q31.1	SHGC-11945
42	erhöht	Human GTP-binding protein (rhoA)	"ras"	691	3p21.1-p22.1	D3S3344
43	erhöht	Human triosephosphate isomerase mRNA		579		
44	erhöht	Human mRNA for phosphoinositide 3-kinase II beta subunit	"CK_II_beta"	968		
45	erhöht	Homo sapiens differentiation-dependent A4 protein		1175	Xp11.23-p22.11	
46	erhöht	Human interferon-inducible protein 9-27		851	11p15.3-p15.5	
47	erhöht	Human c-jun proto oncogene	"bZIP"	1049	1p32.1-p32.2	
48	erhöht	Human mRNA for DNA binding protein TAXREB67		1375		
49	erhöht	Human mRNA for actin-binding protein (filamin)	4x "Filamin"	2443		
50	erhöht	H.sapiens mRNA for sup15h		2693		
51	erhöht	Human mRNA for anionic glutathione-S-transferase (GST-pl-1)	"gluts"	877	11q13.2-q13.4	
52	erhöht	Human CAPL protein		548	1q12	

Sequenz ID No.:	Expression im Uterus-Normalgewebe:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
53	erhöht	lymphocyte-specific protein 1=47 kda actin binding protein	2x "trypsin"	1221		
54	erhöht			252		
55	erhöht	Human protein kinase C substrate 80K-H (PRKCSH)		733		
56	erhöht	Human calyculin gene	"S_100", "efhand"	720		
57	erhöht	Human cathepsin D	"asp"	2124	11p15.5	
58	erhöht	DNA sequence coding for human glutathione peroxidase	"GSHPx"	928	3p21.31-p21.2	D3S3092;D3S337
59	erhöht	Human Csa-19	"Ribosomal_L1"	297		
60	erhöht	Human chondroitin/dermatan sulfate proteoglycan core protein	5x "LRR"	1837		
61	erhöht	Human heart mRNA for heat shock protein 90		1346	11p12-q13.1	
62	erhöht	H.sapiens BBC1	2x "Ribosomal_L13e"	251		
121	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 1		1939	17q11.2-q21.31	
122	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 3		1194		
123	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 6		560		
124	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 11		3770	14q22.3	WI-6414
125	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 16	"fibrinogen_C"	3541	9q33.3-q34.11	D9S282-D9S260
126	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 18		2050		
127	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 20		3968	4q28.1-q31.1	D4S1580-D4S427

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.

Peptid-Sequenzen
(ORF's Seq. ID. No.)

1	63
	64
	65
2	66
	67
	68
3	69
	70
	71
4	72
	73
	74
5	75
	76
	77
6	78
	79
	80
7	81
	82
8	83
	84
	85
9	86
	87
	88
10	89
	90
	91
11	92
	93
	94
12	95
	96
13	97

DNA-Sequenz n Seq. ID. No.

Peptid-Sequenzen
(ORF's) .Seq. ID No.

13	98
	99
14	100
	101
	102
15	103
	104
	105
16	106
	107
17	108
	109
18	110
	111
19	112
	113
	114
20	115
	116
	117
121	131
	132
	133
122	134
	135
	136
123	137
	138
	139
124	140
	141
	142
125	143
	144
	145
126	146
	147

DNA-S quenzen S q. ID. N .**127****P ptid-S qu nz n
(ORF's) .S q. ID No.****148****149****150****151**

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-62 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 63-117 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

5

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- 10 (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
(F) POST CODE (ZIP): D-14195
15 (G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

- 20 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Uterusnormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 144

25 (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
30 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

5  tcccccccg gggcaacccc cccatcgggc ccccaaagcg ctgggggttac agccttaagc 60
   caccaagccc cggccgacct tcttctatct tccattctc ctttccaaag ccatggccat 120
   gcgctcctgt gtacagggtgc ataaacacat cagtgtgcca tccctcacat gcatgtcgtt 180
   ccccacccct ccttcccagg gcttctcttg gctccagcgt tcctctggga ccctctgcag 240
   atacagcctg tgctggaccc ccagccaggg tgagggtcca ttctgctctg tcttccccac 300
   tgccctcagtt tccccaaaaa gctgctttca cgtccttcta gtagggggcc tcccatgggg 360
10  gcaaggatcc cctttaggat tcaatctttc ctctttgggc agttttggct ttgagtcctc 420
   cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtgaagcg aatgacagca gctgggtggg 480
   tggtgtgggg agaggctgag gggaaggcag ctctaagact gggagtggag ttctggagg 540
   tgtggggagg ggggcgtgtt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccgagagag 600
   aatgcgaaaag aggaagttcg gaaggagcga ggaatggggg ggggtggcagc gggggccgct 660
15  cagttgctgt cgctcttgct caccagcacg gcgtccgact cctcgggtgat ctccagcagc 720
   gcgtgcacgt cggggctgct ccgcgcgcgc aggtcgcgcg cctccccccg ctccgcccac 780
   ctccaccatc tcggtggcct tgagcacttc ctctttgggc tcgcggatct tcttgacgtg 840
   gaaggtgaag ggtggcacct tgtagaccgc ggtcttggag cgcgcgtaca ccacgtggtc 900
   gggcgtgaag gatttgcgca acttgtcccg cgacgtcttc agtttctcgc gccgctcggc 960
20  gggcaccagg cgcgtgcccc gcttgttcat gcgttctctc aggggtgtgcc gcgtcttctc 1020
   cagggtttcc ttggtcttga ggcgctctt ctccagggtc tcgcgggtac gcaccttggg 1080
   cttctccatc ttctccttgg agaaggcctt cttgaagtcg tccacgcgcc gcaggccctg 1140
   cgcttgatac gctctgcgcg ggactcctca ataactcctt caacctccac cgctcgtcc 1200
   gacgaaaagct ccagcgccgc tgcgtcctcc tcgggcgcgt cgccctcgcc cagctcctcg 1260
25  ccctccttct ctggcagcgc ctccgactct ttcagcgatt tgctgatgct cagtttggcc 1320
   ggcagcttca cttcatcctg gtagatcatg actttaagtg tgcggcgccg cagcagctcg 1380
   gcctcgttga cctccagctt cttgatctgc ccgcctggc gctccaggct gccgcgcacg 1440
   gtcttcacgt tgacgctgac cttgcgcacc ttctccagca gcttgctcac cgtattgctc 1500
   gtgggtggcgt gcgccttgcc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgccc 1560
30  tccatctccg cctgccgctc ctccagctgt gcttgagtca gctggatctg gtctacggcc 1620
   ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcacgccgt tcacctggtc cgacttgatc 1680
   agctcttctg agccggcccc cgacggctcc tccgctgcct gagccccagc ggaggaagct 1740
   ccggggcctc ggcgatcggg gtaccggggc aagcggccgc 1780

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```

5  ggggagggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcaactggcc tgaccatccg 60
   gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
   tctattttta tcacaatgac cttagagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
   atcccctctg gaggggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
   ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
   gtgatttccc ttagggcccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccttc tgggcccatt 360
   catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
10 gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttatttg gaaagagaga gacaaagagt 480
   tacttggtac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
   gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttcagg ctgtgaaatgc attccatgat 600
   attaggaagt cgggggtggg tgggtggtgg gggctagttg gggttgatt taggggccga 660
   tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttagggtctg cctgtatttc tgggtcccctt 720
15 ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcaccag gtccatctcg tggccagaaa 780
   agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgcctggg 840
   gccagtgac ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttgggtggc 900
   tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
   gagttggctg gtagagcctt cttagaggttc agaataatag cttcaggatc agctgggggt 1020
20 atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
   tgagggacag ttgggtttg ggacttaccg gggatgatt agatctggaa cccccaagt 1140
   aggtcggagg gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatg 1200
   aaagagtgc cttagagggc tccttgggcc tcaggaatgc tcctgctgct gtgaagatga 1260
   gaaggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgctg 1320
25 ctgggtccct tgtagcacag gagactgggg ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca 1380
   tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccaggag 1440
   actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccagg ccagcgctg gctgttctct 1500
   cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
   cctcttgct cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttctg cattcatctg 1620
30 caaaaaaaaa aattttc
                                     1637

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 619 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

55

```

cggctcgagg tgccccctggg aacccccaga atcagagcct cccatgcccg tcggtgaccc 60

```

```

cccagagaag aggcgggggc tgtacctcac agtccccccag tgcctcttgg agaaaccagg120
gtccccctca gccacccctg ccccaggggg tgggtgcagat gaccccggtg agctcggggc180
ttggtgccgc ccacggcttt ggccctgggg tctggggggc ccgctggggg ggaggcccag240
gcagaacctt gcatggaccc tgacttgggt cccgtcgtga gcagaaaggc ccggggagga300
5  tgacggccca ggccctggtt ctctgccag cgaagaggag tagctgccgg gccccacgag360
cctccatccg ttctggttcg ggtttctccg agttttgcta ccagccgagg ctgtgcgggc420
aactgggtca gcctcccgtc aggagagaag ccgcgtctgt gggacgaaga ccgggcaccc480
gccagagagg ggaaggtacc aggttgcgtc ctttcaggcc ccgcgttggt acaggacact540
cgctgggggc cctgtgccct tgccggcggc aggttgccag caccgcggcc caatgtcacc600
10  ttccagaag cgtcctgtg                                     619

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 422 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

35  tcgtccaaaa catccggtat cccccaagc cccagaccaa cctccgtcgc tttgcccttg 60
    ggaacaccga ggccctcgac ttggtggaga tctacctctg gaagctggta aaagatgagg120
    aaactgaggc tcagagagggt gaagtacctg gcccaaggcc acacagccag aatcttccac180
    ttgactcaga tcaagaaagt caggaagcaa gacttccaga aagaggcaca gcacttccga240
40  ctgctcgctg gcccccacga aggtcactgg aacgtcttcc tagcccagac cctggagctg300
    aaggtcacgg ccagtccaga caaagtgacc aagacataac aaagacctaa cagttgcaga360
    tatgagctgt ataattgttg ttattatata ttaataaata agaagttgca ttaccctcaa420
    aa                                     422

```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1194 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

15  cggctcgagg tgccccctggg aacccccaga atcagagcct cccatgcccg tcggtgaccc 60
    cccagagaag aggcggggggc tgtacctcac agtccccag tgctctctgg agaaaccagg 120
    gtccccctca gccacccctg cccagggggg tgggtgcagat gaccccggtg agctcggggc 180
    ttggtgccgc ccacggcttt ggccctgggg tctggggggc ccgctggggg ggaggcccag 240
    gcagaaccct gcatggaccc tgacttgggt cccgtcgtga gcagaaaggc ccggggagga 300
20  tgacggccca ggccctgggt ctctgccag cgaagaggag tagctgccg gccccacgag 360
    cctccatccg ttctgggtcg ggtttctccg agttttgcta ccagccgagg ctgtgcgggc 420
    aactgggtca gcctcccgtc aggagagaag ccgcgtctgt gggacgaaga ccgggcaccc 480
    gccagagagg ggaaggtacc aggttgctc ctttcaggcc ccgcgttggt acaggacact 540
    cgctgggggc cctgtgccct tgccggcggc aggttgacgc caccgcggcc caatgtcacc 600
25  ttcactcaca gtctgagttc ttgtccgcct gtcacgcct caccaccctc ccctccagc 660
    caccaccctt tccgttccgc tcgggccttc ccagaagcgt cctgtgactc tgggagaggt 720
    gacacctcac taagggggcg accccatgga gtaacgcgc cggccccgat gcgaatcagg 780
    cctccccctac atctgggggc gttggccgcg agattcccat tgacaccttt gtttcgtgtg 840
    cttttaaat caggttaaat gttgaataa tctgatgcag aagactcagc ttctcaaggg 900
30  agagggaggg ggcgacgga ataaatagta acttatttaa gaaatgcact tggattcctg 960
    ccatcagtcg ggggcgggga agggagtacc atccgcagat ggggtgcagc ggcacttggc1020
    cagcaggaca caggagacta gcagaaggaa gaggccgggg aggaagaagc cagccaggag1080
    ggggagcctg gggtagccag actctgagcc ccctgatgcg gtgatgtggc ggcggatcca1140
    gttcacgtag gcagggacac gagtgtagac tccccgcct gttggggcgg tcgc 1194
35

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 231 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

5 gcctgatgag agccacttgg gttaagaaac tacctgtgaa tagtcatcat ttctgtcctt 60
cattggggaa tactttttaga ggccagtttc caaaaattct gcttaaaaaa gaattctggt120
tttgtcttac tcttcagat gagatatcac agaggcttgg gcctagattg tcatcagcat180
actgctatac tattcgtttg ttcttattaa gccttattgt gtgtaatgct g 231

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1776 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

35 cggcaggcag ccatcttgcc tggagcctga gaaaggagg agagacagaa ggaaccggcg 60
acagtggctc cagggccgct ccggggggcc tcaagaaccg gaggcagccc cggaggctgc 120
cgcgggcgga cagccagag gaggaggccg gggaatggcc gcggtgtggc agcaagtctt 180
agcagtggac gcgaggtaca acgcgtaccg cacaccaacg ttccacagt ttcggacgca 240
gtatatccgc cggcgaccca gctgctgcgg gagaatgcca aggctgggca cccccagcg 300
ctgcgtcggc agtacctgag gcttcggggg cagctgctgg gccagcgcta cgggcccctc 360
40 tccgagccag gcagtgtctg tgccatatag aacagcatcg tccgcagtag ccgcactact 420
cttgaccgca tggaggactt tgaggatgat cctcgggccc tggggggccc tgggcaaccgt 480
cgttctgtca gcagaggctc ctaccagctg caggcgcaga tgaaccgtgc cgtctatgag 540
gacaggcccc ctggcagcgt ggtgcccacg tcagcagcag aggcaagtcg ggccatggcc 600
ggggacacgt cactgagcga gaactatgcc ttgcgggca tgtatcatgt ttttgaccag 660
45 cacgtggatg aggcagtccc aagggtgcgc ttgcgcaatg atgaccgaca ccgcctggcc 720
tgctgtcac tcgacggcag catctccctg tgccagctgg tgccctgccc acccacagt 780
cttcgcgtgc tacggggcca caccgtggt gtctccgact tcgctgggtc cctctccaat 840
gacatcctcg tgtccacctc actggatgcc accatgcgca tctgggccc tgaggatggt 900
cgctgcatcc gagagatccc tgaccccgat agcgtgaaac tgctctgctg caccttccag 960
50 cctgtcaaca acaacctcac tgtggtgggg aacgccaagc acaacgtgca tgtcatgaac1020
atctccacag gcaagaaagt gaaggggggc tcagcaagc tgacaggccg tgctcttgct1080
ctgtcccttg atgcccctgg ccggtgctc tgggggggtg atgaccgtgg cagtgtcttc1140
tctttcctct ttgatatggc cacagggaag ctgaccaaag ccaagcgttt ggtggtgcat1200
gaggggagcc ctgtgaccag catctcagcc cggctcctggg tcagccgcga ggcccgggat1260
55 ccctcactgc tcatcaatgc ttgcctcaac aagttgctgc tctacagggt ggtagacaac1320

gaggggaccc tgcagctgaa gagaagcttc cccatcgagc agagctcaca tcctgtgcgc1380
 agatcttctg tcccctcatg tccttccgcc agggggcctg cgtgggtgacg ggcagtgaag1440
 acatgtgcgt gcacttcttt gatgtggagc gggcgccaa ggctgctgtc aacaagctgc1500
 agggccacag tgcacctgtg cttgatgtca gcttcaactg cgacgagagc ctactggcct1560
 5 ccagtgaacg cagcgccatg gtcacgtctt ggaggcgagg gcagaagtag ggtcctgtcg1620
 gccctgctgc tgcctccat cccaccctc ttactccagc ctctgtgtgt aaataaagtt1680
 tcggtgggtca tgctgagggc cggctcccag ctctgccggg gacggacagg gcagaggga1740
 gcgggcagct ccaggaacac ggtgaaaaaa aaaaaa 1776

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1242 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

35 ccccgacaa ggccgagtag tgcaatcccc catggcgcca atacagggcc ctgaacgcct 60
 tgcccgggtgc ccttgaatta aagtccttct tcaacgccct tgtatggcga gaagcgaact 120
 ttgagccccc agagacctga cccaacaccc ccgacggcct ccaggagggg cctgggcagc 180
 cccacagctcc cattcctcca ctctgtatct atgcaaagca ctctctgcag tcctccgggg 240
 tgggtgggtg ggcagggagg ggctggggca ggctctctcc tctctctctt tgtgggttg 300
 ccaggaggtt ccccgacca ggttggggag acttggggcc agcgttctct gtctggtaaa 360
 40 tatgtatgat gtgttggtgct ttttaacca aggaggggcc agtggattcc cacagcaca 420
 ccggtccctt ccattgccctg ggatgcctca ccacaccag gtctcttctt ttgctctgag 480
 gtcccttcaa ggccctccca atccaggcca aagcccatg tgccctgtcc aggaactgcc 540
 tgggcatgag gaggggccc cagagggcgc caccaccacc tgacggctgg ggaccacccc 600
 agccctctc cctctctgc tccagactca cttgccattg ccaggagatg gcccacaaca 660
 45 gcaccccgct tttgcagcag aggagctgag ttggcagacc gggccccct gaaccgcacc 720
 ccacccacc agcccgggc ttgctttgtc tggcctcacg tgtctcagat ttttaagaa 780
 caaaaaaaaa aaaaaggaaa aaaaacacaa aacaacaaaa accaaaaaaa aaaaaaatca 840
 caaaaaacaaa aaaactataa aaaagaaaga attaaaaact tttagagaat tactatttac 900
 tttattaaact tacggattta ttatataaat atatattcac cttagcaacat atctctgccg 960
 50 tctctcctgc tctcataatg aagacatagc cgattctctg cccgggcccc ttgctgatgc1020
 tcctccgggt ctgcgtcggg cgtgggtctc tggggaccct ccaggaggtg aggtgggctg1080
 atggcctggc tgccctggtg ttgatggtt tgctccccct acctttttt tttgagttta1140
 ttctgattga ttttttttct tggtttctg ataaaccacc ctctggggac aggataataa1200
 aacatgtaat atttttaaga aggaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1242

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 553 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```
aagcgctgac gcatgcgcat agctaaccgc acccggttca gctcgctttt cttggccaga 60
ggcgccgggtt ggactcacgg gcggggcatg atggtggtgg gtacgggcac ctgctggcg120
ctctcctccc tcctgtccct gctgctcttt gctgggatgc agatgtacag ccgtcagctg180
gcctccaccg agtggtcac catccagggc ggctgcttg gttcggtct cttcgtgttc240
tcgctcactg ccttcaataa tctggagaat cttgtctttg gcaaaggatt ccaagcaaag300
atcttccctg agattctct gtgcctctct ttggtctct ttgcatctgg cctcatccac360
cgagtctgtg tcaccacctg cttcatcttc tccatgggtg gtctgtacta catcaacaag420
atctcctcca ccctgtacca ggcagcagct ccagtctca caccagcaa ggtcacaggc480
aagagcaaga agagaaactg accctgaatg ttcaataaag ttgattcttt gtaaaaaaaaa540
aaaaaaaaa aaa 553
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1246 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

5      gaaaaacagc tcgcgctgca caaagataga cggggagctc ccccaggctc ctctgtgctt 60
      tactaagatg gcctcagttc ccactgtggg cttgagtggc atacactgtt attcatgggt 120
      aaggtaaagc aggtcaaggg atggcattga aaaaatatat ttagttttta aaatatttgg 180
      gatggaactc cctactgacc tctgagaact ggaaacgagt ttgtacagaa gtcagaactt 240
10     tggggtggga atgagatcta ggttgtggct gctggtatgc ttcagcttgc tggcaatgat 300
      gtgccttgac aaccgtgggc caggcctggg cccagggact cttcctgttt cataaggaaa 360
      ggaagaattg cactgagcat tccacttagg aagaggatag agaaggatct gctccgcctt 420
      tggccacagg agcagaggca gacctgggat gccccagttt ctcttcaggg atggatagtg 480
      acctgtcttc attttgcaca ggtaagagag tagttagcta acctatggga attatactgt 540
15     ggggccttgt gagctgcttc taagaggcta acctggaaac taagctcaga ggcaaggtaa 600
      taaagcactt cagggtctgc tccccaaagt ggcctgattt agcagggtgt cctgcgggcg 660
      tccaggtcag caccttctct tagggcactg gggctagggt cacagccctt aactcataaa 720
      gcaatcaaag aaccattaga aagggtcat taagcctttt ggacacagga cccagagagag 780
      gaaaaagtga cttgcccagg gtcgtaagca agctactggc atggcaagag cccagcttcc 840
20     tgacggagcg caacatttct ccactgcact gtgctagcag ctcagcaggg cctctaacct 900
      gtgatgtcac actcaagagg ccttggcagc tcctagccat agagcttctt ttccagaacc 960
      cttccactgc ccaatgtgga gacaggggtt agtggggctt tctatggagc catctgcttt1020
      ggggacctag acctcaggtg gtctcttggg gttagtgtat ctggagaaga gaattattact1080
      ggtttctact tttctataaa ggcatttctc tatatacatg ttttatatac ctcatctctgal140
25     cacctgcata tagtgtggga aattgctctg catttgactt aattaaaaaa aaaaaaaaag1200
      acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa
                                                                 1246

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1721 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
45 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

      cgacaatatt cctacagttg tatgggtggc atgttggcaa tttgtgatgt agccgaatat 60
      aggaagtgtg ccaaagactt caagattcca atgggtattac atctttttga tactctgcat 120
      gctctttgca atcttctggt agttgcccc aataatttaa agcaagtctg ctcaggagaa 180
55     caacttgcta atctggacaa gaatatattt cactccttcg tacaacttcg tgctgattat 240

```

```

agatctgccc gccttgctcg acacttcagc tgagattgaa tttacaaagg aattcagtg 300
cagttccttt acagagggaat gtctttatct tcagcagccc tcggttgata gaaagcacag 360
gagatacctt atgacacagc caacattttg tgaaacaatg actggaacaa aacagcagcc 420
atacttacct ttgagggttt atttaaaagt tggataccac tagctatatt ttgctttttt 480
5 cccctcacat tgaattttta ttccattctt gaatgtagaa atttcagatt ctctaaaact 540
acatgtcact gtttttatcc tagaaaatgt tgctgtcaga aggcaaagga aatgtttacca 600
gtgttttcgg ttctgttact tttaacatat tccattttaga aattttgcca ttctgttttc 660
cattaataat aggtgaaata caggaaaact acatttggtta ttcttcagtt tttaatgacc 720
ttttcagcat caattgttaa tcagattatt ttaggttttc gtaaataatt tttttgcttc 780
10 tttcaaaagg ttaacaatta agcatacttt ctgcagttgg ttgattggat ttttttctga 840
ggtacagcat taatactagt ccaaaaaatg tcataaactg aactaaaatg atgaactatt 900
ttatgtagac attaggagt gatcgggaata cttctgcttt ctgggtaaaaa cttaaaagt 960
tactatttct tatttggtaa atagatttta agccaattct agtaagaaat taataaaaact 1020
accttatttt gtatttcact taagggtggag gaccttaact aaaggacat atttattcat 1080
15 tattttaata ttataaggga agtaaaaaaa agtgagggtat agtctaaatg gtgcataatag 1140
gaaatactga cagtgtttag caacatgcag ccctttgaga tttctgtcgt aatgctaaac 1200
ttgaataaga tggaaatggc gaacatgtgg ttagtctttt attttaagaa gaattgagaa 1260
ttgatagatt tggagatgag ctttgcaaag gctgtttgct ttcatgtct ataggctgt 1320
cattgtcctt tttcaaagca tttctgaagt tattcctact tggatatagt taatggaatt 1380
20 ggcttaattt gatgacataa taaatcactt ataaaatttt aaatatcaag tgaaaattta 1440
gaaaggccat tactattcta taaaccttat aaacttgctc tgggagaatg cattctaaat 1500
tatatatagt gtttcagctc ccattgtggt gttcatagtc ttctaggaac agataaaact 1560
aagtattcaa ttcactcttg ggcatttgtt cccggaggcc ccccttttta gccgattttt 1620
gggaaaacct gcttttcttc tgaggaaact tattctggaa tgcatccac tttacccaaa 1680
25 ccgttctaag gtccagaggc taaccgaggt actggtttag g 1721

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1074 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

50

```

cgagcgcttc ctcaccacct gcgacgggca ccgggcctgc agcacctacc gaaccatcta 60
taggaccgcc tacgcccgca gccctgggct ggccccctgcc aggcctcgct acgcgtgctg 120
ccccggctgg aagaggacca gcgggcttcc tggggcctgt ggagcagcaa tatgccagcc 180
gccatgccgg aacggaggga gctgtgtcca gcctggccgc tgccgctgcc ctgcaggatg 240
55 ccgggggtgac acttgccagt catagtgtga tgaatgcagt gctaggaggg gcggctgtcc 300
ccagcgctgc gtcaacaccg ccggcagtta ctggtgccag tgttgggagg ggcacagcct 360
gtctgcagac ggtacactct gtgtgccc aa gggaggggccc cccagggtgg cccccaaccc 420

```

```

gacaggagtg gacagtgcaa tgaaggaaga agtgcagagg ctgcagtcca gggaggacct 480
gctggaggag aagctgcagc tgggtgctggc cccactgcac agcctggcct cgcaggcact 540
ggagcatggg ctcccgacc ccggcagcct cctgggtgcac tccttccagc agctcggccg 600
catcgactcc ctgagcgagc agatttcctt cctggaggag cagctggggt cctgctcctg 660
5 caagaaagac tcgtgactgc ccagcgcccc aggtctggact gagccctca cgcgcacctg 720
cagcccccat gccctgccc aacatgctgg gggtcagaa gccacctcgg ggtgactgag 780
cggaaggcca ggcaggcct tcctcctctt cctcctcccc ttctcggga ggctccccag 840
accctggcat gggatgggct gggatcttct ctgtgaatcc accctgggt accccaccc 900
tggctacccc aacggcatcc caaggccagg tgggccctca gctgaggaa ggtacgagct 960
10 ccctgctgga gcctgggacc catggcacag gccaggcagc ccggaggctg ggtggggcct 1020
cagtggggct gctgcctgac cccagcaca ataaaaatga aacgtgaaaa aaaa 1074

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 194 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

gttcagctcg cgtttggttg ccagaagagc cggttgggct caggggcggg gcatgatggt 60
ggtgggtacg ggcacctcgc tggcgctctc ctccctctg tccttctgctc tctttgctgg 120
gatgcgggtg tgcggccgtc cgctggcctc cgccgggttg ctgcgcgtcc ggggcgggct 180
40 gcttggttcg ggtc
194

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 218 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```
cttgggtacg tgagcagggg gttaagttag ggtctgcctg tttttctggt ccccttgga 60
atgtccctt cttcagtgtc agagctcagt gccagtgtgc atatggtgcc cagaggagta120
gacattgtgc tgccccagcc ctgccccagt gcgctctgag ctagctagt cctggggccc180
agtgacctgg gggagcctgg ctgcaggccc tctactgt 218
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```
gccgagtcgc tgaccgagcg caccocgccc ccggcgccat cttcccagacc gcgagccgctc 60
caggtctcag tgctgtgccc cccccagagc cttagaggatg tttcatggga tcccagccac120
gccgggcata ggagcccctg ggaacaagcc ggagctgtat gaggaagtga agttgtacaal80
gaacgcccgg gagagggaga agtacgacaa catggcagag ctgtttgcgg tgggaagac240
aatgcaagcc ctggagaagg cctacatcaa ggactgtgtc tccccagcg agtacactgc300
agcctgctcc cggctcctgg tccaatacaa agctgccttc aggcaggtcc agggctcaga360
aatcagctct attgacgaat tctgccgcaa gttccgcctg gactgcccgc tggccatgga420
gcggatcaag gaggaccggc ccatcaccat caaggacgac aagggaacc tcaaccgctg480
catcgagac gtggtctcgc tcttcatcac ggtcatggac aagctgcgcc tggagattcc540
50 gcgccatgga tgagatccag cccgacctgc gagagctgat ggagaccatg caccgcctga600
gccacctccc acccgacttt gagggccgcc agacggtcag ccagtggctg cagaccctga660
gcggcatgtc ggcgtcagat gagctggacg actcacaggt gcggcagatg ctgttcgacg720
tggagtcagc taaaagctt aacgct 746
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2784 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

25  cagagctggt ggaggtggag gtcagtattg tgagcgaggt gaagctgctg cgcaaggaga 60
    gccgcaacat gaactcgcg gtcacgcagc tctacatgca gctcctgcac gagatcatcc 120
    gcaagcggga caacgcgttg gagctctccc agctggagaa caggatcctg aaccagacag 180
    ccgacatgct gcagctggcc agcaagtaca aggacctgga gcacaagtac cagcacctgg 240
    ccacactggc ccacaaccaa tcagagatca tcgcgcagtt gaggagcact gccagagggt 300
30  gccctcgggc agggccgtcc cccagccacc ccccgctgcc ccgccccggg tctaccaacc 360
    acccacctac aaccgcatca tcaaccagat ctctaccaac gagatccaga gtgaccagaa 420
    cctgaaggtg ctgccacccc ctctgcccac tatgccact ctcaccagcc tcccatcttc 480
    caccgacaag ccgtcgggcc catggagaga ctgcctgcag gccctggagg atggccacga 540
    caccagctcc atctacctgg tgaagccgga gaacaccaac cgcctcatgc aggtgtggtg 600
35  cgaccagaga cagcaccctg ggggctggag cgtcatccag agacgcctgg atggctctgt 660
    taacttcttc aggaactggg agcgtacaa gcaagggttt gggaacattg acggcgaata 720
    ctggctgggc ctggagaaca tttactggct gacgaaccaa ggcaactaca aactcctggt 780
    gaccatggag gactgggtccg gccgcaaagt ctttgcagaa tacgccagtt tccgcctgga 840
    acctgagagc gagtattata agctgctggc ggggcgctac catggcaatg cgggtgactc 900
40  ctttacatgg cacaacggca agcagttcac caccctggac agagatcatg atgtctacac 960
    aggaaactgt gccactacc agaagggagg ctggtggtat aacgcctgtg cccactccaa1020
    cctcaacggg gtctggtacc gcgggggcca ttaccggagc cgctaccagg acggagtcta1080
    ctgggctgag ttccgaggag gctcttactc actcaagaaa gtggtgatga tgatccgacc1140
    gaaccccaac accttccact aagccagctc cccctcctga cctctcgtgg ccattgccag1200
45  gagcccaccc tggtcacgct ggccacagca caaagaacaa ctccctacca gttcatctg1260
    aggctgggag gaccgggatg ctggattctg ttttccgaag tcaactgcagc ggatgatgga1320
    actgaatcga tacggtgttt tctgtccctc ctactttcct tcacaccaga cagcccctca1380
    tgtctccagg acaggacagg actacagaca actctttcct taaataaatt aagtctctac1440
    aataaaaaa caactgcaaa gtaccttcat aatatacatg tgtatgagcc tcccttgtgc1500
50  acgtatgtgt ataccacata tatatgcatt tagatatata tcacatgtga tatatctaga1560
    tccatatata ggtttgcctt agatacctaa atacacatat attcagttct cagatgttg1620
    agctgtcacc agcagctttg ctcttaggag aaaagcattt cattagtgtt gtattacttg1680
    agtctaaggg tagatcacag actgtgtggt ctcaactgaa aggatcacc ttggcatctg1740
    tgtgcctgga ttcttccaga atgtctacaa tgctaacttc tcacatagag gttcccagct1800
55  tcttaagaac cccttttggc acctaataaa atttcaaaat ccctcccccc acattttcat1860
    acttttcccc attctcagga cttttcacca tccatcacc acttatccct tcatttgaca1920
    ccattcatta agtgccctct gtgtgtcagt ccctggccac tcaaggcccc1980

```

ctttccgctc tgctgtactc ctgcgctacc tactccttgc cttttctgtc gcacagcccc2040
 ttctttccag gcgagattcc tcagcttctg agtaggaaac actccgggct ccagggtttct2100
 gggtgggaag ggaaggccag gccaaaagct ccaccggccg tatagataat gtactcgag2160
 ttttgatctt tccattcata ctttaaccta cagggtcattt gagtcttcac acaaataata2220
 5 acctatctgg ccaggagaat tatctcagaa cagaagtcac cagatcatca gagccccag2280
 atggctacag accagagatt ccacgctctc aggctgacta gagtccgcat ctcatctcca2340
 aactacactt ccctggagaa caagtgccac aaaaatgaaa acaggccact tctcaggagt2400
 tgaataatca ggggtcaccg gacccttgg ttgatgcact gcagcatggt ggctttctga2460
 gtcctgttgg ccaccaagtg tcagcctcag cactcccggg actattgcca agaaggggca2520
 10 agggatgagt caagaaggtg agacccttcc cggtgggcac gtgggccagg ctgtgtgaga2580
 tgttgatgt ttggtactgt ccatgtctgg gtgtgtgcct attacctcag ctttctcac2640
 aaagtgtacc atgtagcatg tttgtgtat ataaaaggga gggttttttt aaaaatatat2700
 tcccagatta tccttctaata gacacgaatc tgcaataaaa gccatcagt ctatttgat2760
 gtatctaaaa aaaaaaaaaa aaaa 2784

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 806 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

agcaaaacag gagaggagga aagatcagag agagagggaa aaccagagat agagggaaaag 60
 ccagagagtg aaggagagcc agggagtga acaagggctg caggaaagcg cccagctgag120
 gatgatgtac ccaggaaagc caaaagaaaa actaataagg ggctggctca ttacctcaag180
 gagtataaag aggccataca tgatatgaat ttcagcaatg aggacatgat aagagaattt240
 gacaatatgg ctaagggtgca ggatgagaag agaaaaagca aacagaaatt gggggcggtt300
 45 ttgtggatgc aaagaaattt acaggacccc ttctacccta gaggtccaag ggaattcagg360
 ggtggctgca gggcccacg aaggacattc gaagacattc cttatgtgta gtgtccctgg420
 caggcattta ccaggccatg tgctttaacg ttacggtaat actttacttt aggcattccct480
 cctgttgcta gcagcctttt gacctatctg caatgcagtg ttctcagtag gaaatgttca540
 tctgttacat ggaaaaaatg ttgatgggtg attgtaaaat taaaaaacac aacttgcaga600
 50 accaaatata tggcatcagt acatttttgt aaaactacaa agatacttac ctagtaatat660
 agtatagaaa acaattctga aagctgtgtc cactaaaaga ttaacagtgg ttatctctgg720
 gtgaattttt cgggttcctt tttggttcac ctgtccagtt ttcccccaaa acagagttcc780
 ttagtcgtaa aatattaaat ttgaag 806

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1534 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```
tacctttgac aagatggcgg caggaggcag tggcggttgg gggaagcgca gtcgaaaagc 60
gatgccgatt ctggtttcct ggggctgcgg cccacttcgg tggaccagc gctgaggcgg 120
cgggcgcgag gcccaagaaa taagaagcgg ggctggcggc ggcttgetca ggagccgctg 180
gggctggagg ttgaccagtt cctggaagac gtgcggctac aggagcgcac gagcgggtggc 240
ttgttgtcag aggccccaaa tgaaaaactc ttcttcgtgg acactggctc caaggaaaaa 300
gggctgacaa agaagagaac caaagtccag aagaagtcac tgcttctcaa gaaaccctt 360
cggtttgacc tcatcctcga gaacacatcc aaagtccctg cccccaaaga cgtcctcgcc 420
caccaggtcc ccaacgcaa gaagctcagg cggaaggagc agctatggga gaagctggcc 480
aagcagggcg agctgccccg ggaggtgcgc agggcccagg cccggctcct caacccttct 540
gcaacaaggg ccaagcccgg gccccaggac accgtagagc ggcccttcta cgacctctgg 600
gcctcagaca accccctgga caggccgttg gttggccagg atgagttttt cctggagcag 660
accaagaaga aaggagtga gcgccagca gcctgcaca ccaagccgtc ccaggcgccc 720
gccgtggagg tggcgctgc cggagcttcc tacaatccat cctttgaaga ccaccagacc 780
ctgctctcag cggccacga ggtggagttg cagcggcaga aggaggcgga gaagctggag 840
cggcagtggc cctgcccgcc acggagcagg ccgccacca ggagtccaca ttccaggagc 900
tgtgcgaggg gctgctggag gattcggatg gtgaggggga gccaggccag ggcgaggggc 960
cggaggtggg gatgccgagg tctgtccac gcccgcccgc ctggccacca cagagaagaa1020
gacggagcag cagcggcggc gggagaaggc tgtgcacagg ctgcgggtac agcaggccgc1080
gttgcgggcc gcccggtcc ggcaccagga gctgttccgg ctgcgcggga tcaaggccca1140
ggtggccctg aggttgccgg gactggcgcg gcggcgagg cggcggcagg cgcggcgga1200
ggctgaggct gacaagcccc gaaggctggg acggctcaag taccaggcac ctgacatcga1260
cgtgcagctg agctcggagc tgacagactc gctcaggacc ctgaagcccc agggcaacat1320
ccttcgagac cggttcaaga gcttcagag gaggaatat atcgagcctc gagagagagc1380
caagttcaaa cgcaagtaca aggtgaagct ggtggagaag cgggcgttcc gtgagatcca1440
gtttagctg ccatcagatg ccggagactc gcccttcaat aaaaaatctc ttctagctga1500
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataaa aata 1534
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 807 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

20 tttgagggta atgcaacttc ttatttatta atatataata acaacaatta tacagctcat 60
   atctgcaact gttagggtctt tggtatgtct tgggtcaactt gtctggactg gccgtgacct120
   tcagctccag ggtctgggct aggaagacgt tccagtgacc ttctgtggggg ccagcgagca180
   gtcggaagtg ctgtgcctct ttctggaagt cttgttctct gactttcttg atctgagtca240
   agtggaaagt tcctttttacc agcttccaga ggtggatctc caccaagtcc gaggcctcgt300
   gttccagggc aaagcgacgc aggttgtctg ggcctttggg gataccgatg tgtggacgag360
   gacccggccc ggtgccttgg gacacctggt agaactgatc tcaactgtggc caggggtctgc420
25 tttgtcctct gggcaaatct tgcagcactt cccagccact ttctcggggt gacggcaggg480
   gtactcgggt ggacaggtca cacgctggca gtcctggcgg ccatacctcac aggtgcatag540
   gatgcagggc aaggggccga aggcacggaa ggccgggtgc cacacctccc cgtgggagta600
   cgtcttcccg ccatgcacac aggccttctt atgtttctcc ttcaggacga tcttgacagt660
   tgtgtgcctt gctcccttgg gtctgaagtg gcgaggata aagctcagag gggcgctgag720
30 gccagtgggg gctggggctg accgggcctc tctttctccc aggatggatg ggaacaggga780
   tgctgagggg gtctaagccg gtgggag                                     807
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

5  ctcccacaac aatttcattg ttgttagcat atctatttct ccatacattg taaaactgta 60
   atccttaggt atttctaaaa cataaagagg agaattaagt cagctgcaga acaatggggc 120
   tgattcttct gctttttctc tggaaaatct ttcattgctt ttggtggaaa tttacctaga 180
   ggttacaacc acaggatgta gcttggctctc tttttgcct ttttgggaaa ccaattaaga 240
   ttaatacagg ataaaggaaa aaagcaatct attcattata taacacagtt gtttgtagta 300
   cttgttccct gcaaaggaaa tctgttgaat gcttgcattt tgaattcttt tctaatagaa 360
10 caaccaaaaa aggcttctta tgggtgcagca ggaaaaaaga tcattttttat agctttgcat 420
   tcttaacata gcattttaaag agcggcatga attagaggaa agacatggaa cacacaggta 480
   gtcggtttga gatcatcggc ttaaaagtat cctaggatgg taatgaccca gaagtatttc 540
   cagttgtcta gtggtgtggt atgcaggaat gagaagtgtt ttctttccat ttctgttgg 600
   acaggtggca atccttagcag agccactatt tggagttgat aactaaagat gcaaataaca 660
15 tgactatgcc ttctgggtcat cctaggacta tttggagttc tccaaaacct tgtaagaggc 720
   atgtcaggca tgcagtaaaa gcatctacaa cttcagctgg gcactggcag cataggtctc 780
   atcttggacc atacagtccc actttataga agagggtgga agttctccaa aacaatatcc 840
   acaacaaagt ctgacctcac tctgagggag atgggaagtg ggaggaagaa ggactaacca 900
   gctccctgga gtaagaggaa tttgctttcc ctgtctgccc accaggggct atatgtgcca 960
20 cctttcaggt tggggccaag gaagtgatgt cagtggtgaca gaagggagag ttagacctcc1020
   agacgtcagc ctccctccca tggggtacat tttcaatctg agtgttgttg ccttagctgt1080
   gttggtatta gcttgattgg ttggtccgct ggtaggagg tgtagggagg cagtttttgt1140
   ttagttttta ggactttgcc tcttcccttg tcttagcat aatttctagg cagagcatcc1200
   acgaagtccg ttttcattgc cagctcaaga gcgacaatca tttacagatt cctatgttat1260
25 gttaggtgcc ttatgtatat tatcccaaat ccactgcatg gtttaaatac aggcactgga1320
   atataaatga aaaagggtcat tacagtcact gactttctgc aggaccttaa acatttctct1380
   ttccacaagt ttccctctaa tcatgtgtca aacctctctt cctgacggga atgttgtgct1440
   ataatgaatc tgcataacgc ttgggattct aggaggaagg aaggttccat ggacatgtaa1500
   gtaacagcata ttccctcag tcttctagga gggcagagt aatcccagaa ctggtaagat1560
30 tgggaatctg agcattgcca ctttaattct catttgtagt gtaaagcata ccttgtagg1680
   ttttagagag gaaaacaaac acagtttctg cattctagag catgtcaaac tttgtacttc1740
   aacgtgtttt gtaagacaca tttgggttgt cattctagag catgtcaaac tttgtacttc1740
   aaaatatatt tagtatgatt gttagtggta acatatatca aggtcttgaa ttaactgttt1800
   tattttaattt tcacaagaag cacttatttt agccatagga aaaccaatct gagctacaaa1860
35 tagttcttta aaataagccc aggttatttt gctattctag aaagtgcga cttctttcaa1920
   gaagcaggca ttgtaggaca gctgagaatt atcacatagc cttaaattcta gcctggcagc1980
   aagagtcaca tctgagatgt agaccatttt cctatttgca gttacaaggt taaagaactt2100
   ggggtagact aacgtatgtg agaggcatgt cgaacactct gtgtggctct ttcacagtaa2160
   tgaaggtcat tcggctgcta agaggtcatg ttagtgtctg cgtttagatt taatttctca2220
40 accctcctaa gagcagaaga cacatggctg ttagtgtctg aactagggct cctgcaagca2280
   aataaaggcc cttggctgctg tatcatttca tccagttata aactagggct cctgcaagca2280
   cccccattct aagggtgaat tattgaaatc agttgtctatt tgatgagtca caactggccc2340
   agcaggcagg gcatttgaag tcatggtcat caaaaagaaa tgattgtttt ttgaaaagct2400
   aaatgcttaa aatgcttcta gagggaaagtc gtggggcgtg tgctcattct ctttaaaatc2460
45 agggttgttg agtttgtttt taaacatttt tataagttca tgagaaaaaa tatataaatt2520
   ctaagaacca acactgtatt cccagaaaca tgaccctcgc tggctctggg tccacatatc2580
   attggactct gggggacaca aagatgcctg tgacactttg gtgttgccga gttagtcaac2640
   aattattctg ggaaaaagca gaattgaatt cttctctaga tgtcctacca gggttggcca2700
   agggccacaa agcaggctaa taaattccca caggatccag acaccaggca aaattgctct2760
50 aagaagccag ttactgtcat ccctctatgg ttctagaaaa aatagtacaa aaatgacagg2820
   tcatcctatg agcgtcatgc ccatcttctg gagaagccct tgaatcagaa2880
   ttatcttttt tcttgatgtc gtcagatgca gccagtttct taattttttt aaaaactgta2940
   tgtttctgtg gtatgtatat ttgtacacct aactacctgg cacttggaat tcacagcact3000
   actcagaggc aattgaataa agagaaattt aatttttaaat atcaagtcct gtcaaacatt3060
55 tctcaaactt ctgattttat caaagggttg ccagccaata aagtgcaccc caagtataca3120
   ggggagaaaag ctagactcct acagggtcct agagtttaag taattttttt gttattaata3180
   taggtaataa tttttctaat ttttattttt tggttccaaa tgtaaagctc cttgtgttta3240
   cctctgttta tgtcattctt gacatgttta tctaaattat gtgtgctctg tgacagggtga3300
   aatgtaaatc tgggatccat agtcaagata tcataaggac ctacttccca gcctaccttt3360
60 cttcctctac ctgataatga taataactca

```

3389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1919 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```
25  caccgcctcc cccggagacc gattgcgga cccaccttc tctactgtt caagtaccag 60
    gggggccctgg tcccgcgaa ggaagaaaa gcaaaaagac cgaaaatggc taaattcggc 120
    gatccgcccc gccactgccg ccgactgcag tgacatactg cggctgatca aggagctggc 180
    ttaaatatga atacatggaa gaacaagtaa tcttaactga aaaagatctg ctagaagatg 240
    gttttggaga gcaccccttt taccactgcc tggttgcaga agtgccgaaa gagcactgga 300
30  ctccggaagg taacccctcg ccctttccag aagccagaga gaccaagtgt tatgtaagaa 360
    gtagtgctcg ctgtgtagaa ccaactgacta cacaggccga agttactgag aacttggaca 420
    gaaaaaatag ccagcaagtg ttcaaactac tgaggaaaaa aaaaaattag atatgctgca 480
    cttaagaata ctagggcagg ttaaaagagc tgtttaagta agtatcagag tgctgtggag 540
    actcgggaagt gtttaagctg cttaagtaag tataagtgtc gtggagaccc ggaagagtta 600
35  gatataatgt catttgttgt aattcagttt cataaaatgg ttcttgtttg accctaacgt 660
    aacagttttt gtaattgtgt taaatcacat ttttttctt aatttgtccc aatcttcagg 720
    ttacagtctc tagcttcgcc atgtacatgg cccttcctg tacatggatg ggcggggagg 780
    taactaaaag atcctttaca caataaagta gatgatcatg ataaatgagg taaggctcta 840
    ttatcacaca cttcaaacac ggtagatcag aaaccacta tgatactcgc ttctgtctcg 900
40  tttgctaagg aatataaaat ggctagaaag ttttaattga aacctttgcc tccatttgga 960
    atagtagaca ccagttaaga ggggtgtcaga tgcctttttt tggctggtcc ctgttgattg 1020
    gtcagaagac agctcagcta aaaggggaag ttgtctgggt ggttgctttt tttctgacgt 1080
    ctgttcctca ggctggaaga aatgagcaga aaacaaggga tgagtacttt ttagagtatg 1140
    tgcatgttac gtaataacctg tttctgggca atgctgcttc ttctgactca acaaatgggg 1200
45  agagcaaatt gaaaatgcgt aaattggaag gcaagttctg aaattaaacg ttgtactttg 1260
    gcctgatgtt ctgaccttta aggaagcaag agtttgtaaa cttccaaata tttactattc 1320
    tgaactgccg tgtaaacctg acgtattccc aagtcaacat accagtatac caataggatg 1380
    tgaataatgt gtgtgttgag tttaaaacca tagcagtttt gctctggcaa gtaatgaaag 1440
    cgttctcgct tcctgagtgt gagctccagc agactgcaga gtggccagtc cacagttgtg 1500
50  gcctgacttc agtgagttct gatgtgtgct ttttgcaaat acatgttctc agaacagtga 1560
    gatcatccag cagtggcctg gactgcactc acataaaaat catgagacag ccattggcta 1620
    ttgtttctgt aatacatgca tgtgtgtttt ttaaaaccta tgataggcct ctgattctgc 1680
    agctgcaact tttatggaat gttttccttc tccacatctc atgtgatgct cttattacag 1740
    gacacagcat tgttggtttt gccatgtact attttaccta tgaccctggg attggcaagt 1800
55  tattgtatct tgaggacttc ttcgtgatga gtgatataga gcttgcaaaa gatcagaaat 1860
    ctgaagaatc taagccagtt gcaatgagtg tcgctgcaac aacgtgcact cctgggagg 1919
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 280 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```
cccacgcgtc cgcccacgcg tccgaaaacc atcaaggat ggaataccct ggggtgtgtgc 60
aaatacactg tccaggatga gagccactca gagtggtgtg cttgtgtccg cttctcgccc120
aacagcagca accctatcat cgtctcctgt ggctgggaca agctgggtcaa ggtatggaac180
ctggctaact gcaagctgaa gaccaaccac attggccaca caggctatct gaacacggtg240
actgtgtgtg cagatggatc ctgtgtggtt tggggggagg          280
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 451Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

5   tcaaattccg aagcgaaaac ttcgtgcccc aacaatgtcc tctggtcctt gttaaaccacc 60
    ctcttcaatg aacccccctgc tgcctgggct ttcaataaga attcgcctac tccgtggaag120
    tctagggaca ggaagatggg tggcgacgtg accggggccc aggcctatgc ctccaccgcc180
    aagtgcctga acatctgggc cctgattctg ggcatcctca tgaccattct gctcatcgtc240
    atcccagtgc tgatcttcca ggcctatgga tagatcagga ggcatcactg aggccaggag300
    ctctgcccac gacctgtatc ccacgtactc caacttccat tcctcgccct gccccggag360
10  ccgagtcctg tatcagccct ttatcctcac acggttttct acaatggcat tcaataaagt420
    gcaagtgttt ctggtgaaaa aaaaaaaaaa a                                     451

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1011 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

    ctcgagccgc tcgagccatg actgtatcag gttaaagatat agtctgtgga tggatcatct 60
    gatgatgatg gataaatttg atttttgctt tgggtgggct cctcttgggg atggattatg 120
    gaattttaac catgtcacag ctgtgaagat ctggcacaag atagaatggg aaaaaaaaaa 180
40  aaaattttta gtgacagtgc catagtttgg acagtacctt tcaatgatta attttaatag 240
    cctgtgagtc caagtaaatg atcactttat ttgctaggga gggaaagtcct aggggtgggtt 300
    cagtttctcc cagacatacc taaattttta catcaatcct tttaaagaaa atctgtattt 360
    caaagaatct ttctctgcag taaatctcgc aggggaattt gcactattac acttgaaagt 420
    tgttattggt aaccttttcg gcagctttta ataggaaagt taaacgtttt aaacatggta 480
45  gtactggaaa ttttacaaga cttttaccta gcacttaaat atgtataaat gtacataaag 540
    acaaactagt aagcatgacc tggggaaatg tgcagacctt gtattgtgtt tttggccttg 600
    aaagtagcaa gtgaccagaa tctgccatgg caacaggctt taaaaaagac ccttaaaaaag 660
    acactgtctc aactgtggtg ttagcaccag ccagctctct gtacatttgc tagcttgtag 720
    ttttctaaga ctgagtaaac ttcttatttt tagaaagtgg aggtctggtt tgtaactttc 780
50  cttgtactta attgggtaaa agtcttttcc acaaaccacc atctattttg tgaactttgt 840
    tagtcatctt ttatttggtg aattatgaac tgggtgtaaat ttgtacagtt catgtatatt 900
    gattgtggca aagttgtaca gatttctata ttttgatga gaaatttttc ttctctctat 960
    aataaatcgt ttcttatctt ggcattttta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1011

```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 302 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```
gtcttggtc tgctacccag gctgggttgc agtgagccgg gattgtgcca ctgactccag 60
cctgggtgac aggggtgaaac gccatctcaa aaaataaaaa ttaaaaata aaaaaagaac120
ctggatctca atttaatttt tcatattctt gcaatgaaat ggacttgagg aagctaagat180
catagctaga aatacagata attccacagc acatctctag caaatttagc tattgctatt240
gttaggctat tgcttacagc tgtatttgac catatacttg gagttgaata ttgttttcat300
ac 302
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1931 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gttccttttg ttttttctgt ttcttttctc gttgtttttc tttcctttta atagttaaga 60
gattttattc taatagctat aattacagtg cttgtttgtc gaaatgaaaa ctgaaaacaa 120
5 gtatacaaaa cagttgatta ctaatcgtgt attgaaagca gtaagagggt ccacgacacc 180
aaatagacca gttctgaggt ttccccaaga taaatttaac agctccagct tcagtgttta 240
tcaaaaataca aaagaaaaaa gtagagggtg tctttttcga tggcaaatcg gacccttgca 300
ggctgagggg gagaaagcta catcacacac agaggtgggg tgctcccgag gggctgtggg 360
tctagggtgga ccgcctgccc ggcttgacag cgctcctgct ggtgaggccc cagacatcct 420
10 gccaaagtgt ctgagcgagc acgagtgttg gggacgacgg acccactctg gccacacggc 480
gaccgagggg cagatggggc cctgcgtccc ataggctgcc tgaagggtgg tagggcgct 540
gcggcatagt ggggtggctg tgggctccca gcctggcccc tgggaaccgt gggagcacag 600
ggacaagcac atggctatgg aatgcagggt gacccaagga caagcgaggt gcggggatct 660
ctactgtgac catgcagaat tgatcgagct ctctgcgcca ccaccacctc atgttcccga 720
15 ggggaacagc tgggctggcg actggcatcc aggcgtaac tgcaaacta tgctaggcgg 780
ggctctccct ctgtgtgttc aagtgttctc gacttggatt cttactatt ttaaaaaatg 840
cactgagttt gggttaaaaa ccaaccacca aaatggattt caacacagct ctaaagccaa 900
gggcgtggcc ggctctccca acacagcgac tcctggaggc caggtgcccc tgggcctaca 960
tcccctctca gcactgaaca gtgagttgat ttttctttt acaataaaaa agctgagta1020
20 atattgcata ggagtaccag aaactgcctc attggaaaca aaaactattt acattaaatal080
aaaagcctgg ccgcaggctg cgtctgccac atttacagca cggtgcgatg cacacggtgal140
ccaaaccacg gaggcagctt ctggcactca caccacgagc cgcacgtttg ccacatgagal200
gtaaagcaga gggcaagagg agtgagagg aggggggtcg cgttcacttc tggttccggal260
gctgattgga cagccagctc agtccttcat agagcccgtc gccgctgggtg gcgcaggtgg1320
25 cctgaatgta ccagttcctg tggcgtagtg agtgcagccc cagcttgtct gtgatctcgg1380
ccgcattcat ggcgttgggg aggtcctgct tgttggcgaa caccaggagg acagcatccc1440
ggagctcgtc ctgcggccagc atcctcatga gctcctcacg ggctcgttc acacgctctc1500
tgtcattgct gtccaccacg aagatcaggc cttgtgtgtt ctggaagtag tggcgccacal560
ggggccggat cttgtcctgg ccacccacgt cccacacagt gaagctgatg ttcttgtact1620
30 ccacggtttc cacgttgaag cctatggtgg gaatggtgg cagcatctca cccagcttaa1680
gctttagtag gatcgtggtc ttccctgcag catccaggcc caccatgagg atgcgattt1740
cttttttgcc aaaaaggccc ttgaagaggt tggcgaagat gttcccatg cttgtggaca1800
ggtggaagga cactggccag ggacacctca gaggctgctg ctccgagcca ggcgttgggt1860
35 ttgctccac aagatggcgg ctctgacggc ggccacgtca gcgcctccgg gcgcggggca1920
cgccgggtaa g 1931

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1464 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27

```

5  ggggcgcatg gacccccact cgccctccatc ttgctgctgc tgcttcggcc gctcttttag 60
   ccctcgcgcc ccccgccgtt ggctgcggga gagcccgct cccactcccg tgctcgctc 120
   gaccccgcg cgggcacctg tggcttgga cagatagaag ggatggttg ggatacttcc 180
   caaaactttt tccaagtcaa cttggtgtag ccggttcccc ggccacgact ctgggcactt 240
   ccctgaagc tcctctccgg agcttgactt cttggacctc ctccccgcc ccaattccaa 300
   gctccagaaa ctcccaactc gtctgccgtc cagaaagcta gctgcagtgt tcaggacgtc 360
10  cgggaggaag caagcatgtg ggggacagaa cagtagtcct ggactcgaaa gggaagggtg 420
   tgaccagtgg ggccttagca atttgaaggg ttgggaagga ggaattatat ttgcaaaggg 480
   gctgtctatt agcatatttc ctttgagggg gcaaaaaaaaa gtgccagtat cgacttttac 540
   agattgtggc cagtgaggat attataatcc tatgtaaaca gaaaagtccc acttaccgat 600
   tcattctttc actgtttgta tctgcgccc gaattctcag tgacgtgggg gtgaggggtg 660
15  gtggcgattg ccttagaggg aaccctaaa ttgggttttg ataagtttg gcccttgacc 720
   ttaatttcac tgctaccact ctgatctctt agcacatttc ttaggattaa ggggtccaaa 780
   atgctgatct aaggggtgct catggtgttg aacaatgcaa ctttttattt aaaaaagctc 840
   tgactgccca tgtatgaaag tctctttatg atgtttgttt tttgtcatt tttgttcttt 900
   acatcaagaa attttatgtt taaatatgct gagaatgtat attgcctctg ctccatcag 960
20  ggttgctaaa ccctggtaca tcgtatataa aatgtattaa aactgggggt tgttaccagt 1020
   tgctgtactt tgtatataga attttataa attgtatgct tcagaaataa tttattttta 1080
   aaaagaaatt aaaagtttta aactcacatc catattacac cttcccccc tgaaatgtat 1140
   agaatccatt tgtcatcagg aatcaaaacc cacagtccat tgtgaagtgt gctatattta 1200
   gaacagtctt aaaatgtaca gtgtatttta tagaattgaa gttaacattc ttattttcaa 1260
25  gagaatttat ggacgttgta gaaatgtaca aatgcatttc caaactgcct taaacgttgt 1320
   atttttatag acatgttttt taaaaatcct aagtttttaa ataactatgg atttgtgtat 1380
   tttttttggt tatttgtttt attaaaacat gtacatcagt aaagagtttt aaacaatgaa 1440
   aaaaaaaaaa aaaatttcca aaaa
                                     1464

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2103 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

55  ggggccccgg ccacgaatcg agcagtgacc gtgctcctac ccagctctgc ttcacagcgc 60
   ccacctgtct ccgccctcgc gccctcgcc cggtttgccc taaccgccac gatgatgttc 120
   tggggcttca acgcagacta cgaggcgctc tctcccgcgt gcagcagcgc gtccccggcc 180

```

5 ggggaatagcc tctcttacta ccactcaccg gcagactcct tctccagcat gggctcgcct 240
gtcaacgcgc aggacttctg cacggacctg gccgtctcca gtgccaactt cattcccacg 300
gtcactgcca tctcgaccag tccggacctg cagtggctgg tgcagcccgc cctcgtctcc 360
tctgtggccc catcgagac cagagcccct caccctttcg gagtccccgc cccctccgct 420
5 ggggcttact ccagggtgg cgttgtgaag accatgacag gaggccgagc gcagagcatt 480
ggcaggaggg gcaagggtga acagttatct ccagaagaag aagagaaaag gagaatccga 540
agggaaagga ataagatggc tgcagccaaa tgccgcaacc ggaggaggga gctgactgat 600
acactccaag cggagacaga ccaactagaa gatgagaagt ctgctttgca gaccgagatt 660
gccaacctgc tgaaggagaa ggaaaaacta gaattcatcc tggcagctca ccgacctgcc 720
10 tgcaagatcc ctgatgacct gggcttccca gaagagatgt ctgtggcttc ccttgatctg 780
actggggggc tgccagaggt tgccaccccg gagtctgagg aggccttcac cctgcctctc 840
ctcaatgacc ctgagcccaa gccctcagtg gaacctgtca agagcatcag cagcatggag 900
ctgaagaccg agccctttga tgacttcctg ttcccagcat catccaggcc cagtggctct 960
gagacagccc gctccgtgcc agacatggac ctatctgggt ccttctatgc agcagactgg 1020
15 gagcctctgc acagtggctc cctggggatg gggcccatgg ccacagagct ggagccccctg 1080
tgactcccg tggtcacctg tactcccagc tgcactgctt acacgtcttc cttcgtcttc 1140
acctaccgg aggtcagctc cttccccagc tgtgcagctg cccaccgcaa gggcagcagc 1200
agcaatgagc cttcctctga ctgcctcagc tcaccacgc tgctggccct gtgagggggc 1260
agggaagggg aggcagccgg caccacaag tgccactgcc cgagctgggtg cattacagag 1320
20 aggagaaaca catcttccct agagggttcc tgtagaccta gggaggacct tatctgtgcg 1380
tgaaacacac caggctgtgg gcctcaagga cttgaaagca tccatgtgtg gactcaagtc 1440
cttacctctt ccggagatgt agcaaacgc atggagtgtg tattgttccc agtgacactt 1500
cagagagctg gtagttagta gcatgttgag ccaggcctgg gtctgtgtct cttttctctt 1560
tctccttagt cttctcatag cattaactaa tctattgggt tcattattgg aattaacctg 1620
25 gtgctggata ttttcaaatt gtatctagt cagctgattt taacaataac tactgtgttc 1680
ctggcaatag tgtgttctga ttagaaatga ccaatattat actaagaaaa gatacgactt 1740
tattttctgg tagatagaaa taaatagcta tatccatgta ctgtagtttt tcttcaacat 1800
caatgttcat tgtaatgtta ctgatcatgc attgttgagg tggctctgaat gttctgacat 1860
taacagtttt ccatgaaaac gttttattgt gtttttaatt tattttattaa gatggattct 1920
30 cagatattta tatttttatt ttattttttt ctaccttgag gtcttttgac atgtggaaaag 1980
tgaatttgaa tgaaaaattt aagcattgtt tgcttattgt tccaagacat tgtcaataaa 2040
agcatttaag ttgaatgcga aaaaaaaaaa aaaaaaaga gggggaagca tgggggggtc 2100
acc 2103

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 975 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

caccgggag cccaggata ggtaccacta cctgcgcgtc aaggtgcccc accggggggc 60
tgcaattctt cgttcccaag tccccgcac gtccgcagct tgatgcatt ctctccgtac120
gagccctga gacttccacg ccatgttcca gcccttcctt gagatgatac acgaggctca180
5 gcaggccatg gacatccact tccacagccc ggcttccag caccgcca cagaattcat240
acgagaaggc gacgatgacc ggactgtgtg ccgggagatc cgccacaact ccacgggctg300
cctgcggatg aaggaccagt gtgacaagtg ccgggagatc ttgtctgtgg actgttccac360
caacaacccc tcccaggcta agctgcggcg ggagctcgac gaatccctcc aggtcgtctga420
gaggttgacc aggaatata acgagctgct aaagtcctac cagtgaaga tgctcaacac480
10 ctctctcttg ctggagcagc tgaacgagca gtttaactgg gtgtcccga tggcaaacct540
cacgcaaggc gaagaccagt actatctgcg ggtcaccacg gtggcttccc acacttctaa600
ctcggacgtt ccttccggtg tactgaggt ggtcgtaaa ctctttaact ctaatccccat660
cactgtaacg gtccctgtag aagtctccag gaagaaccct aaattgatgg agaccgtggc720
ggagaaagcg ctgcaggaat accgcaaaaa gcaccgggag gagtgaatg tggatgttgc780
15 ttttgacact acggggggcat ctaagtccag ctccccccaa gatgagctgc agccccccag840
agagagctct gcacgtcacc aagtaaccag gccccagcct ccaggccccc aactccgccc900
agcctctccc cgctctggat cctgcactct aacactcgac tctgctgctc atgggaattg960
ctctgcacg caact
975

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3061 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

acggggatct caacggaaac tccagttctc tcaaggatct cctgcaatac ttcgaggcga 60
45 acctgaaaag ttaggtcagg cgttgactga agtctatgcc aaggccaata gcttcaccgt 120
ctcctctgtc gccgcccctt cctggcttca ccgtttcatc attggcaaga aagggcagaa 180
cctggccaaa atcactcagc agatgcaaaa ggttcacatc gagttcacag agggcgaa 240
caagatcacc ctggaggggc ctacagagga tgtcaatgtg gccagggaac agatagaagg 300
catggtcaaa gatttgatta accggatgga ctatgtggag atcaacatcg accacaagt 360
50 ccacaggcac ctcatggga agagcgggtg caacataaac agaataaa accagtacaa 420
gggtgtccgtg cgcacccctc ctgacagtga gaagagcaat ttgatccgca tcgaggggga 480
cccacagggc gtgcagcagg ccaagcgaga gctgctggag cttgcatctc gcatggaaaa 540
tgagcgtacc aaggatctaa tcattgagca aagatttcat cgcacaatca ttgggcagaa 600
gggtgaacgg atccgtgaaa ttcgtgacaa attcccagag gtcattcatta actttccaga 660
55 cccagcacia aaaagtgaca ttgtccagct cagaggacct aagaatgagg tggaaaaatg 720
cacaaaatac atgcagaaga tgggtggcaga tctggtggaa aatagctatt caatttctgt 780

```

```

tccgatcttc aaacagtttc acaagaatat cattgggaaa ggaggcgcaa acattaaaaa 840
gatttcgtgaa gaaagcaaca ccaaaatcga ccttccagca gagaatagca attcagagac 900
cattatcatc acaggcaagc gagccaactg cgaagtgccc ggagcaggat tctgtctatt 960
cagaaagacc tggccaacat agccgaggtg gaggtctcca tccctgcca gctgcacaac1020
5 tccctcattg gcaccaaggg ccgtctgatc cgctccatca tggaggagtg cggcggggtc1080
cacattcact ttcccgtgga aggttcagga agcgacaccg ttgttatcag gggcccttcc1140
tcggatgtgg agaaggccaa gaagcagctc ctgcatctgg cggaggagaa gcaaaccaag1200
agtttcactg ttgacatccg cgccaagcca gaataccaca aattcctcat cggcaagggg1260
ggcggcaaaa ttcgcaaggc gcgcgacagc actggagcac gtgtcatctt ccctgcggt1320
10 gaggacaagg accaggacct gatcaccatc attggaaagg aggacgccgt ccgagaggca1380
cagaaggagc tggaggcctt gatccaaaac ctggataatg tgggtggaaga ctccatgctg1440
gtggacccca agcaccaccg ccacttcgtc atccgcagag gccaggctct gcgggagatt1500
gctgaagagt atggcggggt gatggtcagc ttcccacgct ctggcacaca gagcgacaaa1560
gtcaccctca agggcgccaa ggactgtgtg gaggcagcca agaaacgcat tcaggagatc1620
15 attgaggacc tggaaagctc ggtgacatta gaatgtgcta taccacagaa attccatcga1680
tctgtcatgg gcccacaaag ttccagaatc cagcagatta ctcgggattt cagtgttcaa1740
attaaattcc cagacagaga ggagaacgca gttcacagta cagagccagt tgtccaggag1800
aatggggacg aagctgggga ggggagagag gtctaaagatt gtgaccccg ctctccaagg1860
aggtgtgaca tcatcatcat ctctggccgg aaagaaaagt gtgaggctgc caaggagct1920
20 ctggaggcat tggttcctgt caccattgaa gtagaggctg cctttgacct tcaccgttac1980
gttattgggc agaaaggaag tgggatccgc aagatgatgg atgagtttga ggtgaacata2040
catgtcccgg cactgagct gcagtctgac atcatcgcca tcacgggcct cgctgcaa2100
ttggaccggg ccaaggctgg actgctggag cgtgtgaagg agctacaggc cgagcaggag2160
gaccgggctt taaggagttt taagctgagt gtcaactgtg accccaaata ccatcccaag2220
25 attatcgggg gaaagggggc agtaattacc caaatccggt tggagcatga cgtgaacatc2280
cagtttcctg ataaggacga tgggaaccag ccccaggacc aaattaccat cacagggtac2340
gaaaagaaca cagaagctgc cagggatgct atactgagaa ttgtgggtga acttgagcag2400
atggtttctg aggacgtccc gctggaccac cgcgttcacg cccgcatcat tgggtcccgc2460
30 ggcaaagcca ttcgcaaaat catggacgaa ttcaagggtg acattcgctt cccacagagc2520
ggagccccag accccaactg cgtcactgtg acggggctcc cagagaatgt ggaggaagcc2580
atcgaccaca tcttcaatct ggaggaggaa tacctagctg acgtggtgga cagtgaggcg2640
ctgcaggtat acatgaaacc ccacgacac agcagtgaga aggtcctga catgagcagc2700
gtggtgcggg acgcacctg gaccgccagc agcagtgaga aggtcctga catgagcagc2760
tctgaggaat ttcccagctt tggggctcag gtggtccca agaccctccc ttggggcccc2820
35 aaacgataat gatcaaaaag aacagaaccc tctccagcct gctgacccaa acccaaccac2880
acaatggttt gtctcaatct gaccagcgg ctggaccctc cgtaaattgt tgacgtctt2940
cccccttccc gaggtccgca gggagcctag cgcctggctg tgtgtgcggc cgctcgagca3000
tgcacttaga gggcccaatt cggcctatag tgagtcgtat tacaattcac tggccgtcga3060
t 3061

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2592 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50

ccggggcccc agtgaggagc tgctgcggca gtgggagcag cggttgcagg agtcctgctc 60
cgtgtgcctg gccgggctag atggcttccg ccggcagcag caggaggaca gggagcggct 120
gcgagcgatg gagaagctgc tggccccgct ggaggagcgg caacggcacc tcgcagggct 180
ggcgggtgggc cgcagcgcct gcaggaatgc tgctctccag agctgggccg gcgactggca 240
gagctggagc gcaggctgga tgtcgtggcc ggctcagtga cagtgtctgag tgggcggcga 300
ggcacagagc tgggaggagc cgcggggcag ggaggccacc cccagggcta caccagcttg 360
gcctcccggc tgtctcgctt ggaggaccgc ttcaactcca ccctgggcc ttcggaggag 420
caggaggaga gctggcctgg ggctcctggg gggctgagcc actggctgcc tgctgcccgg 480
ggccgactag agcagttggg ggggctgctg gccaatgtga gcggggagct gggggggcgg 540
ttggatctgt tggaggagca ggtggcaggg gccatgcagg catgcgggca gctctgctct 600
ggggcccctg gggagcagga ctctcaagtc agcagatcc tcagtgcctt ggagcgcagg 660
gtgctggaca gtgaggggca gctgcggctg gtgggctccg gcctgcacac ggtggaagca 720
gcggggggagg cccggcaggc cagctggag ggattacaag aggttgtggg ccggctccag 780
gatcgtgtgg atgccagga tgagacagct gcagagttca cactacggct gaatctcact 840
gcggcccggc taggccaact ggaggggctg ctgcaggccc atggggatga gggctgtggg 900
gcctgtggcg gagtccaaga ggaactagtc cgccttcggg atggtgtgga gcgctgctcc 960
tgccccctgt tgccctcctc gggctcctgg gctggtccag gtgttggggg cccaagccgt1020
gggcccctgg acggcttcag cgtgtttggg ggcagctcag gctcagccct gcaggccctg1080
caaggagagc tctctgaggt tattctcagc ttcagctccc tcaatgactc actgaatgag1140
ctccagacca ctgtggagg ccagggcgct gatctggctg acctgggggc aaccaaggac1200
cgtatcattt ctgagattaa caggctgcag cagaggcca cagagcatgc tacagagagt1260
gaagagcgct tccgaggcct agaggaggga caagcacagg ccggccagtg cccagctta1320
gagggggcgt tgggcccgtc tgagggtgtc tgtgaacggg tggacactgt ggctggggga1380
ctgcaggggc tgcgcgaggg cctttccaga cagtggtgct ggctctgggc tgggctccgg1440
gaaaccaaca ccaccagcca gatgcaggca gccctgctgg agaagctggg cgggggacag1500
gcgggcctgg gcaggcggct ggggtgccctt aacagctccc tgcagctcct ggaggaccgt1560
ctgcaccagc tcagcctgaa ggacctcact gggcctgcag gagaggctgg gccccagg1620
cctcctgggc tgcagggacc cccaggccct gctggacctc caggatcacc aggcaaggac1680
gggcaagagg gccccatcg gccaccaggt cctcaagggt aacaggaggt ggagggggca1740
ccagcagccc ctgtgcccc aagtggcattt tcagctgctc tgagtttgcc ccggtctga1800
ccaggcacgg tccccctoga cagagtcctg ctcaatgatg gaggctatta tgatccagag1860
acaggcgtgt tcacagcgcc actggctgga cgctacttgc tgagcgcggt gctgactggg1920
caccggcacg agaaagtgga ggccgtgctg tcccgtccca accaggcggt ggccgcgta1980
gactccgggt gctacgagc tgagggcctg gagaataagc cgggtggcca gagccagccc2040
agcccgggca cccgtggcgt cttcagccc atcctgccgc tgcaggccgg ggacacggtc2100
tgctgcagc tgggtcatggg gcagctggcg cactcgagg agccgctcac catcttcagc2160
ggggccctgc tctatgggga cccagagctt gaacacgcgt agactggggg cccgcccagc2220
gtgtctacgt cggctgaaga gacagcggg gcggcgggct cctgggggtc cgcctgagac2280
ggggcaccta gccctgggcg agcgcgcgac ccgggcccgc agcggcaccg cgcccagagc2340
ggcctctccc cagccccggg gcgcgcgggc tcagggaggc tcggggccgc ccatgcagac2400
ttttggcctg gcgcgatccc ccaagaaccc ctccagggcc ggctgcgga ggagccgatc2460
ctcgacccct ccgtccctc cactggccct ccaggtcgat tccctgggct ccaggctccc2520
ccgcgcgggc gccgcccacc gccatactaa acgatcgagg aataaagaca cttggttttt2580
ctaaaaaaaa ct 2592

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 884 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```

tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttgggtgggg gatcacattt attgtattga 60
ggtcacaggt caagtcattc actagtcctc actaggaggg gtggcagggg cagggtggg120
ggtgggtggg cgagtcacca aggtgggggg cccaggaggg gcaagctcct ttacccatct180
20 ttgaaggctg ttggggcctg ggaatgtgga ccagccccgc ctggggccca gagcagggca240
cgaagcccca caaaggtcct gccgccacag aggagggcaa cagagccaca ggcaggccca300
gagggggcgg tggacggcac tgcaggggct ggcttcatgc cttcttgagg ttctctgcgc360
ccatccagct agagctcgtc atggtcgtct tcggtgggtg cttcaggcgg tggctccggg420
caggcggctg gcgtcatcag ctccatgagg tactcgagc gactgggctc tgtggtgctg480
25 gtcaccatgg tctctttccc gcacaggagg cgcacgggtg tggagcgggt ggggccctgc540
cagcagcccc tgccttgctc atacttcag gactgaact tgcgtgggtc ggggccaatc600
catgagcccc aggtgccaa gctggtggga gagccccga gtttgggtt ctgcgagaca660
agcttgaagg ggcagaggcg gtagacgtat tcgttgggtg tgagctcgta gcactggctg720
tacaggtaa caaactcccc gttggggcca aagtcaaaag aaatctcttg ctccagggtc780
30 ctgatggact cctccatgct cttcagcgac cgctcggcct cctcgaactt gttgcggggc840
tcctgggcag ctgggagaag ggttggaggt cagctcgagc cggg 884
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 493 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

5  ttctagatcg cgagcggccg ctccgatcta gaactaggca agatggcaga agtagagcag 60
   aagaagaagc ggaccttccg caagttcacc taccgcggcg tggacctcga ccagctgctg120
   gacatgtcct acgagcagct gatgcagctg tacagtgcgc gccagggcgg cggctgaacc180
   ggggctcgcg gcggaagcag cactccctgc tgaagcgccg gcgcaaggcc aagaaggagg240
   cgccgcccac ggagaagccg gaagtgggtga agacgcacct gcgggacatg atcatcctac300
   ccgagatggg gggcagcatg gtgggcgtct acaacggcaa gaccttgaac cagggtggaga360
   tcaagcccga gatgatcggg cactaactgg gcgagttctc catcaactac aagcccgtaa420
10 agcatggccg ggccggcatt gggggccacc acttctgccg gttgatccct gtgaagtaaat480
   gggttagtaa ttt
                                     493

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 913 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

40  gttccgcaat tggtcggggc aaaagtctgg gaaccaccg ccaaggcctg tgctcgaacc 60
   gaaggcactt ccaaccaacc aaccgtgttc aaacttcccc cgtctcccca tccctgtccc120
   actcccacga acagtgcgct gaagcctacc ttcaagagcc ccattacga cctctcccag180
   ctgctgaaag gccacgggag gtgaggctct tcacatccca ttgggactcc atgctccttg240
   agaggagaaa tgcaataact ctgggagggg ctcgagaggg ctggtcctta tttatttaac300
   ttcacccgag ttcctctggg tttctaagca gttatgggtg tgacttagcg tcaagacatt360
   tgctgaactc agcacattcg ggaccaatat atagtgggta catcaagtcc atctgacaaa420
   atggggcgaga agagaaagga ctcagtgtgt gatccgggtt ctttttgctc gccctgttt480
45  tttgtagaat ctcttcacgc ttgacatacc taccagtatt attcccgcgc acacataatac540
   atatgagaat ataccttatt tattttttgt taggtgtctg ccttcacaaa tgtcattgtc600
   tactcctaga agaaccaaat acctcaattt ttgtttttga gtactgtact atcctgtaaa660
   tatactctaa gcaggtttgt tttcagcact gatggaaaat accagtgttg ggttttttt720
   tagttgccaa cagttgtatg tttgctgatt atttatgacc tgaaataata tatttcttct780
50  tctaagaaga cattttgtta cataaggatg acttttttat acaatggaat aaattatggc840
   atttctattg aaaaaaaaaa aaaaagaaaa aaaaaaaaaa gaggggggga gagaggagag900
   gggggggggc ggt
                                     913

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1917 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

agcttgagca gcagctgagc gccaaaaaca gcacactcaa acaactggaa gaaaaactca 60
aaggccaggc tgactatgaa gaggtgaaga aagagctgaa cattctgaag tccatggagt 120
25 ttgcaccatc cgagggcgct gggacacagg atgcggccaa gcccttggag gtgctgttgc 180
tggagaagaa ccgctcgctg cagtccgaga acgccgcgct gcgcatctcc aacagcgacc 240
tgagcggacg ctgtgcggag ctgcaagtcc gtatcactga ggctgtggcc acagccactg 300
agcagagaga gctgatcgcc cgctggagc aggacctgag catcattcag tccatccagc 360
ggcccgatgc cgaggggtgcc actgagcacc gcctggagaa gatcccagag cccatcaaag 420
30 agggccactgc cctattctac ggacctgcag caccagccag cgggtgccctc ccagagggcc 480
aggtggattc actgctttcc atcatctcca gccagaggga gcgcttccgt gcccggaacc 540
aggagcttga ggccgagaac cgcttggccc agcacaccct ccaggccctg cagagtggagc 600
tggacagcct gcgcgccgac aacatcaagc tctttgagaa gatcaagttc ctgcagagct 660
accctggccg gggcagcggc agtgatgaca cggagctgcg gtaactcgcc cagtacgagg 720
35 agcgcctgga ccccttctcc tccttcagca agcgggagcg gcagaggaag tacctgagct 780
tgagtccctg ggacaaggcc accctcagca tggggcgctc ggttctctcc aacaagatgg 840
cgcgccaccat cggcttcttc tacacactgt tcctgcactg cctggtcttc ctggtgctct 900
acaagctggc atggagcgag agcatggaga gggactgtgc caccttctgc gccagaagt 960
tcgctgacca cctgcacaag ttccacgaga atgacaacgg ggctgcggct ggtgacttgt 1020
40 ggcagtgata ccccggggcc tcccccgta cagtgcggcc tgcgcctcca ccccgactgc 1080
tcagtgcac taatcactta gactcccctg aagaatcccc catggaaact gcccttatcc 1140
gctgtccagc agctgccaga ggccccaggt cacctcgggt ccccttgaaa gaatgtctcg 1200
gtcacatcag gcccgtagg tccagagagc gagcccccaa tgcccgcca ggctaagccg 1260
cagagaccct ctacgcccc acctcaggtt agggctctgc ccgcagcctg acctctagcc 1320
45 ctggtggcag aggtccctca gctgcgaggc taattgggtg accaccgatt ccagctgcgg 1380
ttaatccagc ttgggcctgt ctgcaactgc atcctcttg gctctctag gggcccccca 1440
tgccccgtaa gaggtggaag acgcttcctt ccaggacagc aggttttgag tccagcacc 1500
ccagcctgcc tttgccacca gccccaccct gcagagtata tgaggettga cagagtctgc 1560
ccctccccc actgcacccc aagagagaga gccccagcca gcggaacagt ttctattacc 1620
50 cctccctgc cccagaccc atgtgatttc cgtttcttc tttagcaaga tatttggtt 1680
tctagataag gaagagtctc taatgagccc ccgagcccca gtctcttcag actcatggat 1740
tggtctgagg ggtctgaacg tctcctagcc aatcagaact ggctgtggac caccctagca 1800
cggccacctc tcagggccac tggcaggcct tcctgagtta gatttgtagt tgcataattt 1860
gctttgcaca tttgaaataa accacggttg cagccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1917

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 518 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```
ggccagccct ggggcgcctt aaaaaccgga gctggcgctt ggcatcgcca ctctgggcag 60
gatccaacgt cgctccagct gctcttgacg actccacaga taccgccgaag ccatggcaag120
caaggggcttg caggacctga agcaacaggt ggaggggacc gccaggaag ccgtgtcagc180
ggccggagcg gcagctcagc aagtgggtgga ccaggccaca gaggcggggc agaaagccat240
ggaccagctg gccaagacca ccaggaaac catcgacaag actgctaacc aggcctctga300
caccttctct gggatcggga aaaaattcgg cctcctgaaa tgacagcagg gagacttggg360
tcggcctcct gaaatgatag caggagact tgggtgacct cccttccagg cgccatctag420
cacagcctgg cctgatctc cgggcagcca ccacctctc ggtctgcccc ctcattaaaa480
ttcacgttcc caaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagttttg 518
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 634 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

5 ctccccgcgcg cgcggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctcacacctg cccccgccc 60
gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgcta ggcccgctag ccgccgccct cctcctcagc120
ctgctgctgt tcggtttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
cccagagctcc aggttgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240
gacaacctca agtgctgcag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
gagggttcct gccccaggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
10 tgccagggtg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gccgcaatg ctgtgggaag420
gtgtcctgtg tcaactccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480
agaaagtctc tgctggccc tgcctctggt tccagcccac ctgccctccc ctttttcggg540
actctgtatt ccctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaagtaacc600
actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaaca aaaa 634

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 879 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

40 ctggcccata aataggggtc tcctcagtgc cctccgctcc tcctgccacc tccctcgtc 60
tcccacacca ctggcaccag gccccggaca cccgctctgc tgcaggagaa tggctactca120
tcacacgctg tggatgggac tggccctgct gggggtgctg ggcgacctgc aggcagcacc180
ggaggccag gtctccgtgc agcccaactt ccagcaggac aagttcctgg ggcgctggtt240
cagcggggc ctgcctcca actcgagctg gctccgggag aagaaggcgg cgttgtccat300
45 gtgcaagtct gtggtggccc ctgccacgga tgggtggctc aacctgacct ccaccttcc360
caggaaaaac cagtgtgaga cccgaaccat gctgctgcag ccgcgggggt ccctcggctc420
ctacagctac cggagtcccc actggggcag cccactactc gtgtcagtgg tggagaccga480
ctacgaccag tacgcgtgc tgtacagcca ggcagcaag ggccctggcg aggacttccg540
catggccacc ctctacagcc gaaccagac ccccagggt gagttaaagg agaaattcac600
50 cgcttctgc aaggccaggt gttcacaga ggataccatt gtcttctgc cccaaaccga660
taagtgcag acggaacaat aggactcccc agggctgaag ctgggatccc ggccagccag720
gtgaccccca cgtctggat gtctctgctc tgttcttcc ccgagccct gccccggctc780
cccgcctaaag caccctgcc cactcgggt tcactctgca caataaactc cggaagcaag840
tcagtaaaaa aaaaaaaaaa gggaaagagg ggtgaggga 879

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2015 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

25  ctgagccgcc tgatttattc cgggccccaga ggagaaggcg ccagaacccc gcgggggtctg 60
    agcagcccgag cgtgccattt ccagcgcccg cgtccccgca gcatgccgag cccccgcctg 120
    ctggccgcgc tgtgcggcgc gctgctctgc gccccagcc tcctcgtcgc cctggatata 180
    tgttccaaaa acccctgcc caacggtggt ttatgcgagg agatttccca agaagtgcga 240
    ggagatgtct tcccctcgta cacctgcacg tgccttaagg gctacgcggg caaccactgt 300
30  gagacgaaat gtgtcgagcc actgggcatg gagaatggga acattgccaa ctcacagatc 360
    gccgcctcat ctgtgcgtgt gaccttcttg ggtttgcagc attgggtccc ggagctggcc 420
    cgcctgaacc gcgcaggcat ggtcaatgcc tggacaccca gcagcaatga cgataacccc 480
    tggatccagg tgaacctgct gcggaggatg tgggtaacag gtgtggtgac gcagggtgcc 540
    agccgcttgg ccagtcatga gtacctgaag gccttcaagg tggcctacag ccttaatgga 600
35  cacgaattcg atttcatcca tgatgttaat aaaaaacaca aggagtttgt gggtaactgg 660
    aacaaaaacg cgtgcatgt caacctgttt gagaccctg tggaggctca gtacgtgaga 720
    ttgtacccca cgagctgcca caggcctgc actctgcgct ttgagctact gggctgtgag 780
    ctgaacggat gcgccaatcc cctgggcctg aagaataaca gcatccctga caagcagatc 840
    acggcctcca gcagctacaa gacctggggc ttgcatctct tcagctggaa cccctcctat 900
40  gcacggctgg acaagcagg caacttcaac gcctgggttg cggggagcta cggtaacgat 960
    cagtggctgc aggtggacct gggctcctcg aaggaggtga caggcatcat caccagggg1020
    gcccgtaact ttggctctgt ccagtttgtg gcatcctaca aggttgcta cagtaatgac1080
    agtgcgaaat ggactgagta ccaggacccc aggactggca gcagtaagat cttccctggc1140
    aactgggaca accactccca caagaagaac ttgtttgaga cgcccatcct ggctcgctat1200
45  gtgctcatcc tgctgttagc ctggcacaac cgcctcgccc tgcgcctgga gctgtgggc1260
    tgttagtggc cacctgccac cccaggtct tcctgctttc catgggcccg ctgcctcttg1320
    gcttctcagc ccctttaaata caccataggg ctggggactg ggggaaggga ggggtgttcag1380
    aggcagcacc accacacagt caccctccc tcctctttc ccacctcca cctctcacgg1440
    gccctgcccc agccccctaag ccccgctccc taacccccag tcctcactgt cctgttttct1500
50  taggcactga gggatctgag taggtctggg atggacagga aagggcaaag tagggcggt1560
    gggttccctg cccctgtccg gaccgcccag cccagggtgc tgtgtctctg tctctcctag1620
    cccctctctc acacatcaca ttccatggt ggctcaaga aaggcccga agcgccaggc1680
    tggagataac agcctcttgc ccgtcgccc tgcgtcgccc ctgggtacc atgtggccac1740
    aactgctgtg gccccctgtc cccaagacac ttcccttgt ctccctgggt gcctctcttg1800
55  ccccttgtcc tgaagcccag cgacacagaa ggggtgggg cggtctatg gggagaaagg1860
    gagcgaggtc agaggagggc atgggttggc aggggtgggc tttggggccc tctatgctgg1920
    cttttcaccc cagaggacac aggcagcttc caaaatatat ttatcttctt cacgggaaaa1980

```

aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

2015

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 732 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```
aaaaaaaaag aaaagccaag caaaccaatg gtgatcctct attttgtgat gatgctgtga 60
caataagttt gaaccttttt ttttgaaaca gcagtcctcag tattctcaga gcatgtgtcal120
gagtgttgtt ccgttaacct ttttgtaaact actgcttgac cgtactctca catgtggcaa180
aatatggggt tttgaaagt ttttttcttc gtccttttgg tttaaaaagt ttcacgtctt240
ggtgcctttt gtgtgatgag ccttgctgat ggcttgacat gtgcaattgt gagggacatg300
ctcacctcta gccttaaggg gggcaggagg tgatgatttg ggggaggctt tgggagcaaa360
ataaggaaga gggctgagct gagcttcggt tctccagaat gtaagaaaac aaaatctaaa420
acaaaatctg aactctcaaa agtctatttt tttaactgaa aatgtaaatt tataaatata480
ttcaggagtt ggaatgttgt agttacctac tgagtaggcg gcgatttttg tatgttatga540
acatgcagtt cattattttg tggttctatt ttactttgta cttgtgtttg cttaaacaaa600
gtgactgttt ggcttataaa cacattgaat gcgctttatt gcccatggga tatgtggtgt660
atatccttcc aaaaaattaa aacgaaaata aagtaaaaaga aaaaaggaaa aaaactcaag720
atagctcgtg cc 732
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 691 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

```
attgcagctg caaggtactc tggtagtgca ccacttcagg gctttactcc gtaaacagat 60
tttggttgga ttgctctggg gtgggcagtt ttttgaaatg ggccaaccag aaaagcccaal20
gttcatgcag ctgtggcaga gttacagttc tgtggtttca tgtagttac cttatagtta180
ctgtgtaatt agtgccactt aatgtatgtt accaaaaata aatatactta cccagacta240
gatgtagtat tttttgtata attggatttc ctaatactgt catcctcaaa gaaagtgagt300
gtatttgtaa ataaagtcag atggaaaatt cattttttaa attcccgttt tgtcactttt360
tctgataaaa gatggccata ttaccccttt tcggcccccatt gtatctcagt accccatgga420
gctgggctaa gtaaatagga attggtttca cgcctgaggc aattagacac tttggaagat480
ggcataacct gtctcacctg gacttaagca tctggctcta attcacagtg ctcttttctc540
ctcactgtat ccaggttccc tcccagagga gccaccagtt ctcatgggtc gcactcactc600
tctcttctct ccagctgact aaactttttt tctgtaccag ttaatttttc caactactaa660
tagaataaag gcagttttct aaacttcctg t 691
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 579 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```
gtcagatgag ctgattgggc agaaagtggc ccatgctctg gcagagggac tcgggagtaa 60
tgggcctgca attggggggg aggtttggtt ggaaggaggg ttggatgact gagaaggttg120
ttttcgagca gacaaaggct atcgcgagata acgtgaagga ctggagcaag gtcgtcctgg180
cctatgagcc tgtgtgggcc attggtactg gcaagactgc aacaccccaa caggcccagg240
aagtacacga gaagctccga ggatggctga agtccaacgt ctctgatgcg gtggctcaga300
gcacccgtat catttatgga ggctctgtga ctggggcaac ctgcaaggag ctggccagcc360
```

agcctgatgt ggatggcttc cttgtgggtg gtgcttcctt caagcccgaa ttcgtggaca420
tcatcaatgc caaacaatga gcccacatcca tcttgcttac ccttcctgcc agggcaggga480
ctaagcaggc gagaagccca gtaactgcct tttccctgca tatgcttctt gattggtgtg540
atgtgatgtc tttctgtggg cttaatgcaa agttgtatc 579

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 968 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

cccacccctcc ctaatttcca ctccccccac cccacttcgc ctgcccgggt cgggtccgcg 60
gcctgcgctg tagcggtcgc cgccgttccc tggaagtagc aacttcctta ccccacccca120
gtcctgggtcc ccgtccagcc gctgacgtga agatgagcag ctgagaggag gtgtcctgga180
tttcctgggt ctgtgggctc cgtggcaatg aattcttctg tgaagtggat gaagactaca240
tccaggacaa atttaattct actggactca atgagcaggt ccctcactat cgacaagctc300
tagacatgat cttggacctg gagcctgatg aagaactgga agacaacccc aaccagagt360
acctgattga gcaggcagcc gagatgcttt atggattgat ccacgcccgc tacatcctta420
ccaaccgtgg catcgcccag atgttggaag agtaccagca aggagacttt ggttactgtc480
ctcgtgtgta ctgtgagaac cagccaatgc ttcccattgg cctttcagac atcccagggt540
aagccatggg gaagctctac tgcccgaagt gcatggatgt gtacacaccc aagtcacaa600
gacaccatca caccggatggc gcctacttcg gcactgggtt ccctcacatg ctcttcattg660
tgcatcccga gtaccggccc aagagacctg ccaaccagtt tgtgcccagg ctctacggt720
tcaagatcca tccgatggcc taccagctgc agctccaagc cgccagcaac ttcaagagcc780
cagtcaagac gattcgctga ttccctcccc cacctgtcct gcagtctttg acttttcctt840
tcttttttgc caccctttca ggaaccctgt atggttttta gtttaaatga aaggagtcgt900
45 tctcgtggtg ggaatatgaa ataaagtaga agaaaaggcc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa968
aaaaaaaaa 968

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1175 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

gccccgccccg cgctcagtcctg cgcgggtgatt cactccctcc ttcgccccgg ggcccccttc 60
ccgggccagac ggcgggcaag acagctgggt gtacagcgtc ctcgaaacca cgagcaagtg 120
agcagatcct ccgaggcacc agggactcca gcccattgcca tggcggattc tgagcgctc 180
tcggctcctg gctgctgggc cgcctgcacc aacttctcgc gactcgaaa gggaatcctc 240
ctgtttgctg agattatatt atgcctggtg atcctgatct gcttcagtgc ctccacacca 300
ggctactcct ccctgtcggg gattgagatg atccttgctg ctattttctt tgttgtctac 360
atgtgtgacc tgcacaccaa gataccattc atcaactggc cctggagtga tttcttccga 420
accctcatag cggcaatcct ctacctgatc acctccattg ttgtccttgt tgagagagga 480
aaccactcca aaatcgctgc aggggtactg ggcctaactg ctacgtgcct ctttggtat 540
gatgcctatg tcaccttccc cggtcggcag ccaagacata cagcagcccc cactgacccc 600
gcagatggcc cgggtgtagg gaacttccct catttctctc tgcaatctgc aaataactcc 660
tccattgaaa taactcctcc ccaccccaac aacaacattc ccagcagacc aactcccacc 720
ccctctttga ggtaaaagtg cctttatttg gagacttttg tcttccagcc tgccaatcaa 780
ccctcctggg tgtggccacc atatgtgtgt gcctagggtc tccttctgca cgatccaata 840
ggagacacca gttctgactg aacctatgcc ccacctaatg cacaaaatga gggaagtggg 900
gagttagatt tcagagtcca ggccctaggt tgggacccac tccaaataat ctctcgggtg 960
tgggtggttg ttctatagag ggataaatga ataataaaca ttgttaaat atacgataat 1020
gaataaagta atcctttcat caaatgtggg taaatttcaa gcatcaggag ggggaaatgg 1080
agtggaaaca gctggggcaa ggaggcaaag aagccaggcc tgttttacia caaatattaal 1140
ttacttcaat aatgcaaacg agaggccccg tgcggg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 851 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

acctgcacca ggagacactg ggaggttttag tccccaaacc cgcacagagc aggactgcag 60
cctgaggaaa gagcaaggat ttcaggagag aggcctgcga caagtgcga ggaaatagaa120
10 acttaagaga aatacacact tcgagaaact gaaacgacag gggaaaggag gtctcactga180
gcaccgtccc agcatccgga caccacagcg gcccttcgct ccacgcagaa aaccacactt240
ctcaaaccctt cactcaacac ttcttcccc aaagccagaa gatgcacaag gaggaacatg300
aggtggctgt gctgggggca cccccagca ccctcttcc aaggtccacc gtgatcaaca360
tccacagcga gacctccgtg cccgaccatg tcgtctggtc cctgttcaac accctcttct420
15 tgaactggtg ctgtctgggc ttcatagcat tcgcctactc cgtgaagtct agggacagga480
agatgggttg cgacgtgacc gggggccagg cctatgcctc caccgccaag tgctgaaca540
tctgggcccct gattctgggc atctcatga ccattggatt catcctgtta ctggtattcg600
gctctgtgac agtctacat attatgttac agataatata ggaaaaacgg ggttactagt660
agccgccccat agcctgcaac ctttgcactc cactgtgcaa tgctggccct gcacgctggg720
20 gctgttgccc ctgccccctt ggtcctgccc ctagatacag cagtttatac ccacacacct780
gtctacagtg tcattcaata aagtgcacgt gcttgtgaaa aaaaaaaaaa aaggaggggg840
ggaaaaaggg g 851

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1049 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

ctcgagccgt tttttttttt tattggtatt tgaatacatt tattgtgaca agaatgctgt 60
50 tataaatatt cataagcaaa ggccatcttt ttatctagga attgtcaaa agaatattcc 120
aaattggaag gatacatctt ttgtaaaatc tgccaccaat tcctgctttg agaataagca 180
cctattgtaa aatttctact aacattataa atggtcacag cacatgccac ttgatacaat 240
ccaaactttg aaatgtttga cttctcagt ggctgtccct ctccactgca accccccttc 300
ctccagcctc ctgaaacatc gcactatcct ttggttaagca attccatata gatagctggg 360
55 ggaggaggag tataacctga ccatagcatc aggtacatca ggtacattta tttctaaagt 420

```

ctaatagaga acagttttta ctgcttaata gtaagaagca ctgagagtga ttttaatcga 480
cattcttaac tctttcaact ccacctagat agctagtatc tacagatgat gcagaaaaga 540
ggtagggga gtactttcca atagtttatt gtattttctt aaatatcctt tctggaattt 600
tcagaaacaa aacataaaaa aattatatac tttattacaa atggtaaact cagagtgtct 660
5 caaatctctt atttacaac aacactgggc aggataccca aacaaacaaa caaataactt 720
acaaaggcat gaagctgttt attgacagta atcagctttc atcaaattaa aaaatatata 780
tatgtacata cacagttaac gaaggcaggc cagaaagagt tcatctgtag gctcagcctc 840
gctctcacia acctccctcc tgccgccctt cccaaccct cccccgctt tgtgttctta 900
aggagtacta cagaagcaat ctacagtctc tattgcagtt tgtaaccccc tccccctccc 960
10 cctttaata ctgaatgaga tcgaatgtta ggtccatgca gttcttggtc aatgttaacg1020
aaaaggtcca acgttccgtt cgcgcgggg 1049

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1375 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48

```

aatacaactg ccttgtcccc atcctctact tcgccatcta gaaagcccg ctcataagtg 60
aacgcttgac ttctcaaaaca gttaacctct aatgggactt gccttctgat tctcattcag 120
gcttctcacg gcattcagca gcagcgttgc tgtaaccgac aaagacacct tcgaattaag 180
40 cacattcctc gattccagca aagcacgcga acatgaccga aatgagcttc ctgagcagcg 240
agggtgtggt gggggacttg atgtccccct tcgaccagtc gggtttgagg gctgaagaaa 300
gcctagggtc cttagatgat tacctggagg tggccaagca cttcaaacct catgggttct 360
ccagcgacaa ggctaaggcg ggcctctccg aatggctggc tgtggatggg ttggtcagtc 420
cctccaacaa cagcaaggag gatgccttct ccgggacaga ttggatgttg gagaaaatgg 480
45 atttgaagga gttcgacttg gatgcctgt tgggtataga tgacctggaa accatgccag 540
atgaccttct gaccacgttg gatgacactt gtgatctctt tgcccccta gtccaggaga 600
ctaataagca gcccccccag acggtgaacc caattggcca tctccagaa agtttaacaa 660
aaccgacca ggttgcccc ttcaccttct tacaacctct tcccccttcc ccaggggtcc 720
tgtcctccac tccagatcat tcctttagtt tagagctggg cagtgaagtg gatatactg 780
50 aaggagatag gaagccagac tacactgctt acgttgccat gatccctcag tgcataaagg 840
aggaagacac cccttcagat aatgatagtg gcactctgat gagccagag tcctatctgg 900
ggtctcctca gcacagcccc tctaccaggg gctctccaaa taggagcctc ccatctccag 960
gtgttctctg tgggtctgcc cgtcccaaac cttaacgatcc tcttgagag aagatggtag1020
cagcaaaagt aaagggtgag aaactggata agaagctgaa aaaaatggag caaacaagag1080
55 cagcagccac taggtaccgc cagaagaaga gggcggagca ggaggctctt actggtagt1140
gcaaagagct ggaaaagaag aacgaggctc taaaagagag ggcggattcc ctggccaagg1200
agatccagta cctgaaagat ttgatagaag aggtccgcaa ggcaaggggg aagaaaagg1260

```

tcccctagtt gaggatagtc aggagcgtca atgtgcttgt acatagagtg ctgtagctgt1320
gtgttccaat aaattatttt gtagggaaag taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 1375

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2443 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

30	tttttttttt	tttttttttt	tttttttttt	tttttttatga	atggaagcaa	aactttattc	60
	ctcttggtg	gagaagagaa	ctagtgggtg	gttgtgtaca	ggacccccat	ccctcaccac	120
	tcccagaacc	aaagaagaca	agcagcgcca	ccaaatggct	ccctctgccc	aagtgaagc	180
	cgagaggta	gcggctggct	ggggaggcag	gtgagcgag	cacggcacag	ggcagggcg	240
	gctgcagtga	caggcgggcg	gccagggcgg	cctgggccc	gggtgagggg	aagagggcg	300
	ggctgcttgg	gtagcggggc	aggcttgggg	gctgccggct	ggcacggggc	ccagactcag	360
	ggcaccacaa	cgcggtagg	gctgcctggg	atgtgctcgt	ccccccattt	gaccaccagt	420
35	gtgtactccc	ccttgcctt	gagcaggtag	gacacgctgt	agagccggct	gcccacgtgc	480
	ttcaccagga	tctcctcgca	gggggtcctt	gggccatgaa	ccccaccag	cagcatgttg	540
	ttgcctgctt	tgtgtcagtc	tactgtgaag	ctgctcttct	ggcctacgta	ggccttgctc	600
	agccccaggc	ccttggccac	caccttgctg	gcgtcagcag	gcccaggacc	cggggcccca	660
	tgtctggggg	cacaggtggc	cttggtcaga	gagtcataca	acactgatga	tgtctcgtgg	720
40	aggctgtggt	tgtgtacgag	acgggggcct	gtgactttgg	ccttgaaggg	gctgccccca	780
	atgtggtagg	ggcgcgcgta	cttgatggag	atgaggtagc	tgccagggtc	catgggggta	840
	taggtgacgc	ggtagccctc	agggcactcc	tggcaatcca	tcttcacctt	ggagggggcg	900
	tcaatggtca	ccgacagggc	accagctccc	gcattgctcg	tggtcacgac	gaactcagct	960
	gggttccctg	tgacaccggc	ttccagacct	gctccgtaag	cagacaccaa	gcctgggtcc	1020
45	cctccatgcc	caggctcccc	aactcggatc	ttgaaggggc	ttccagggat	gtgggtgccg	1080
	ttgaacttga	cgtaaatcag	gtaaacgcc	ttctcccag	ggatgaagcg	cacagcatac	1140
	ttatcttggt	caatttctgt	gacatagcac	tcctccaggg	ctcctgaggg	gctgtgcacc	1200
	ttggcatcga	tcgccccctt	ggccccgttc	aggctgactg	caaaagaggc	tggctggttg	1260
	acctttagcc	ctgactcctg	aaggctagaa	acagtgaggc	ggcgggctgc	gccagacggg	1320
50	gaagccacag	gcaccacgaa	ggggctgtcg	ggaatgtgtt	cctcgttgaa	cttgactgag	1380
	acttcgtagt	cacctggctc	ctggaccaca	taagccacac	cacaggagcc	gtccttgccg	1440
	tcctcaaaa	agatctcagc	cttgctgggg	ccctcgacag	caatggccag	gcctccagca	1500
	ccagcttccc	gggtccagat	actgaattcg	gctggcactc	cagcttcagc	tctctccagg	1560
	ccagggcccc	cagctcggac	cttgtgggct	cccccttccc	ctagggggccc	cacgggtgaac	1620
55	tgaaggggc	tcccaggcac	gtgctggccc	tgtgacttca	cgctgactgt	gtgtgtgccc	1680
	atctcagcgg	gaacaaaagc	gatgcagtag	gtgtggttct	ccccctccac	gatctcggcc	1740
	tcattgggtct	tgcccgatgg	gctggtcacc	tgggctgtca	tatcctggat	gctaatttcal	1800

```

    gggattttca ggctgaggtc acaatgacta ccaacgttgg ccaactgaagg agcccagacgc1860
    ctgcgggtga tgctctcttt caccggggcc tcgcctgtca ccttcacaga gaaggggctg1920
    ccaggcacgt gctggtcggc aaacttgatg ttgatgatgt agttgcctgg ctctgtgggg1980
    cagtaggtga ccctgcacgt cccgtcctcc aggtcctctg tgttgatgtc caccttgctg2040
5   gggccctcaa tggacaggct gagcccacca tagcctgcat cgcggggtatc aatgataaac2100
    tctgcaggct caaagggtgtg gccttcgtga aggccttgac cagagacccg aacacgactg2160
    gcatcccca tttccgactg gctgatcacc accgggatgg ggctgctggc cacgtgctgg2220
    ccatttttct tcacatgcac caggtgctcc cccgtctcct tgggcacgaa tgaaatcccc2280
    acgtggccat tacgcagccg cttcagcaaa cagggtcctc cccggcccga gggcgggacc2340
10  acagtggccg tcagcaggct gagatccgtc tctgagatgt tgatggggat gtcggcagca2400
    gagccgacct ttaggtggga catacgcatg gagtctcac ctg
                                           2443

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2693 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

    gactacgtgg agcccagcca gaacaccatc tccctgaaga tgatcccacg catcgactac 60
    gatcgagcga agggccgcac gagcttgaaa gactgggttg ccaaaaggaa gaagttaaag 120
    cggcctccac agaggctggt tgatgctgag aagatcaggc ccctgggggg tgatgttgcc 180
40  tctgatgggtg acttcctcat ctttgagggg aaccgttaca gccggaaggg ctttctgttc 240
    aagagcttcg ccatgtctgc tgtgatcacg gaggtgtgta agccaacact ctctgagctg 300
    gaaaagtgtt aggaccagcc agagggcatt gacctggagg tggtgactga gagcacaggg 360
    aaggagcggg agcacaactt ccaacctggg gacaacgtgg aggtctgtga gggtgagctc 420
    atcaacctgc agggcaagat cctcagcgtg gatggcaaca agatcaccat catgccccaa 480
45  catgaggacc tcaaggacat gttggagtcc ccagcccagg aacttagaaa atacttcaag 540
    atgggggacc acgtgaaggt gattgctggc cgattcgagg gcgacacagg cctcattgtg 600
    cggttgaggg agaatttcgt tatcctgttc tctgacctca ccatgcatga gctgaagggtg 660
    ctccccggg acctgcagct ctgctcagag acagcatcag gtgtggatgt tgggggccag 720
    catgaatggg gcgagctggt gcagctggat cccagactg tgggtgtcat cgtgcgacta 780
50  gaacgggaga ccttcagggt gctgaacatg tacgggaagg tggtgactgt cagacatcag 840
    gctgtgaccc ggaagaagga caaccgcttt gctgtggcct tggactcaga gcagaacaac 900
    atccatgtga aagacatcgt taaggctcatt gatggccccc actcaggccg agaaggggag 960
    attcgccatc tcttccgaag cttcgccctc ctacattgca agaaactggt ggagaacggg1020
    ggcatgtttg tctgcaagac ccgccacctg gtgctggctg ggggctcaaa gcccgtgat1080
55  gtgaccaact tcaccgtggg tggtcttgcg cctatgagtc cccggatcag cagccccatg1140
    caccacagtg ctggagggtca gcgtggcggc tttggtagcc cagggtggcg cagtgggtggc1200
    atgagcaggg gccggggccg gagggacaac gaactcatcg gccagaccgt gcgcatctcc1260

```

```

5  cagggggccct acaaaggcta catcgggtgtg gtgaaagatg ccacagagtc caccggcccgt1320
   gtggagctgc actccacctg ccagaccatc tctgtggacc gtcagcggct caccacgggtg1380
   ggctcacggc gcccgggcgg catgacctcg acctatggga ggacgcccac gtatggctcc1440
   cagacgcca tgtatggctc tggctcccga acacccatgt acggctcaca gacacccctc1500
10 caggatggta gccgcacccc aactacggc tcacagacgc ccctgcatga tggcagccgc1560
   actcctgccc agagtggggc ctgggacccc aacaaccca acacgcccgc acgggctgag1620
   gaagaatatg agtatgcttt cgatgatgag cccaccccgt ccccgaggc ctatggggga1680
   accccaatc cccaaacacc tggctaccca gaccctcgt cccacaggc caaccacaa1740
   tacaaccgc agacgccagg gacgccggc atgtacaaca cagaccagtt ctctccctat1800
15 gcggggccct cccacaagg ttccctaccag cccagcccca gccccagag ctaccaccag1860
   gtggcgccaa gcccgaggc ctaccagaat acccactccc cagccagcta ccaccctaca1920
   ccgtcgcca tggcctatca ggctagcccc agcccgaggc ccgttggcta cagtccctat1980
   acacctggag ctccctcccc tgggtggctac aaccacaca cggcaggctc aggcacgag2040
   cagaactcca gcgactgggt aaccactgac attcagggtga aggtgcggga cacctacctg2100
20 gatacacagg tgggtgggaca gacagggtgc atccgcagtg tcacgggggg catgtgctct2160
   gtgtacctga aggacagtga gaaggttgtc agcatttcca gtgagcacct ggagcctatc2220
   accccaacca agaacaacaa ggtgaaagt atcctgggag aggatcgga agccacgggc2280
   gtcctactga gcattgatgg tgaggatggc attgtccgta tggacctga tgagcagtc2340
   aagatcctca acctccgctt cctggggaag ctccctggaag cctgaagcag gcagggccgg2400
25 tggacttcgt cggatgaaga gtgacccctc ttccctccct ggcccttggc tgtgacacaa2460
   gatccctcctg cagggtcagg cggattgttc tggatttcct tttgtttttc cttttagttt2520
   tccatctttt cctccctgg tgctcattgg aatctgagta gagtctgggg gaggggtccc2580
   accttctgt acctccctcc cacagcttgc ttttgttgta ccgtctttca ataaaaagaa2640
   gctgtttggc ctaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2693

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 877 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```

50  taaattcgcg gccgctcgac tttttttttt tttttttttt agctctctta gaaattttat 60
   tggtcctgga gaaaggaagg caaactctgc ctcccgtca gactccccc aaccctcact120
   gtttcccgtt gccattgatg gggaggttca cgtactcagg ggaggccagg aaggccttga180
   gcttggggcg ggcactgagg cggccacat atgctgagag cagggggaac gcatccaggc240
   agccaggggc taggacctca tggatcagca gcaagtccag cagggtttag tcagcgaagg300
55  agatctggtc tcccacaatg aaggtcttgc ctccctgggt ctgggacagc agggctctcaa360
   aaggcttcag ttgcccgggc agtgccctca catagtcac cttgcccgcc tcatagttgg420
   tgtagatgag ggagatgtat ttgcagcgga ggtcctccac gccgtcattc accatgtcca480

```

ccagggtctgc ctctctgtgg tctttcccat agagcccaag ggtgcggccc aggtgacgca540
 ggatggtatt ggactggtac aggggtgaggt ctccgtcctg gaacttgggg agctgcccg600
 ataggcagga ggctttgagt gagccctcct gccacgtctc cacggtcacc acctcctcct660
 5 tccagctctg gccctgatct gccagcagca tgcgcagggc cgcgcagcgg cctcgaactg720
 ggaaatagac cacggtgtag ggcggtatgg tggcgaagac tgcggcggcg aaactccagc780
 gaaagcctcg cggcctccga gccttataag ggtggtcccg ccccgctccg ccccgagtgt840
 gagtacgggc gccggccgct cttctggagg gtcccg 877

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 548 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

ccctctctct cagcgtctc tttcctacaa cctctctctc tcagcgttc ttctttcttg 60
 gtttgatcct gactgtgtc atggcgtgcc ctctggagaa ggccctggat gtgatggtgt120
 35 ccaccttcca caagtactcg ggcaaaagg gtgacaagt caagctcaac aagtcagaac180
 taaaggagct gctgaccgg gagctgcca gcttcttggg gaaaaggaca gatgaagctg240
 ctttccagaa gctgatgagc aacttggaca gcaacaggga caacgaggtg gacttccaag300
 agtactgtgt cttcctgtcc tgcacgcca tgatgtgtaa cgaattcttt gaaggcttcc360
 cagataagca gcccggaag aaatgaaaac tctctgatg tggttggggg gtctgccagc420
 40 tggggccctc cctgtcgcca gtgggcaatt tttttttcc accctggctc cttcagacac480
 gtgcttgatg ctgagcaagt tcaataaaga ttcttggaag ttttaaaaaa aaaaaaaaa540
 aaaaaaaaa 548

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1221 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```
15  tggaaacata aatggggagg ggagagccca ctgggtagaa ggaacaggga ggggccagga 60
    tctgctgctg gcaactgccc tcctggcgag ccgcgcctac gcggcccctg ccccaggcca 120
    ggccctgcag cgagtgggca tcgttggggg tcaggaggcc cccaggagca agtggccctg 180
    gcaggtgagc ctgagagtcc acggcccata ctggatgcac ttctgcgggg gctccctcat 240
    ccacccccag tgggtgctga ccgcagcgca ctgcgtggga ccggacgtca aggatctggc 300
    cgccctcagg gtgcaatgcg ggagcagcac ctctactacc aggaccagct gctgccggtc 360
20  agcaggatca tcgtgcaccc acagttctac accgcccaga tcggagcgga catcgccctg 420
    ctggagctgg aggagccggg gaaggtctcc agccacgtcc acacggtcac cctgccccct 480
    gcctcagaga ccttcccccc ggggatgccg tgctgggtca ctggctgggg cgatgtggac 540
    aatgatgagc gcctcccacc gccatttctc ctgaagcagg tgaaggctcc cataatgga 600
    aaccacattt gtgacgcaaa ataccacctt ggcgccctaca cgggagacga cgtccgcac 660
25  gtccgtgacg acatgctgtg tgccgggaac acccgagggg actcatgcca gggcgactcc 720
    ggagggcccc tgggtgtgcaa ggtgaatggc acctggctgc aggcgggcgt ggtcagctgg 780
    ggcgagggct gtgcccagcc caaccggcct ggcatctaca cccgtgtcac ctactacttg 840
    gactggatcc accactatgt ccccaaaaag ccgtgagtca ggcctgggtt ggccacctgg 900
    gtcactggag gaccaacccc tgctgtccaa aacaccactg cttcctaccc aggtggcgac 960
30  tggcccccac accttccctg ccccgctcct agtgcccctt cctgtcctaa gccccctgct1020
    ctctttctgag ccccttcccc tgtcctgagg accttcccc atcctgagcc cccttccctg1080
    tcctaagcct gacgcctgca ccgggcccct cgccctccc ctgcccaggc agctgggtgg1140
    gggcgctaata cctcctgagt gctggacctc attaaagtgc atggaaatca aaaaaaaaaa1200
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1221
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 252 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

5  cagtacagag cgggacaggg tgctgccggc acagggctga ccacagagca catcaaaaga 60
   ggccccactg ctcagtggag cgtggaggac gaggaggagg ccgtccacga gcaatgccag120
   catgagagag acaggcaggt caggccagga cgaggaggga ggcgggcatg tcccagcg180
   cgaacaggag tgggtctcagc tgaagctcga ggcctgactg atgagacgag gcttgggatg240
   tccagagcag ac                                     252

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 733 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

35  gcgtcgacgg aggttgagac cagcctgacc aacatgatgt aaaaccccat ctctactaaa 60
   aatacaaaaa aattggctgg gtgtgggtgt ggggtgcctgt agttccagct gctcaagagg120
   ctgaagcaca agaatcgctt gaacccagga ggtggagggt ggagtgaagg aagatcaagc180
   tactgcactc tccagcctgg gctacagagt gagactctca aaaaaaagaa ataataataa240
   taagacaaaa gagacaaggt ctccaggctg gtcaactcct ggctcaaat gatcctccca300
   40  cctcagcctc ccaagcagcc gggactacag gcaaaccatca ccatgtccag ctgtccccag360
   ctttctaate tgggtctttct cttgccccag aacctcaaga aggcattgaag ccagccccctg420
   cagtgccgtc caccgcgcc tctgggcctg cctgtggctc tgttgccctc ctctgtggcg480
   gcaggacctt tgtggggctt cgtgccctgc tctggggccc aggcggggct ggtccacatt540
   cccaggcccc aacagccttc aaagatgggt aaaggagctt gccctccctg ggccccccac600
   45  cttggtgact cgccccacca ccccagccc tgccctgcc acccctccta gtgggggacta660
   gtgaatgact tgacctgtga cctcaatata ataatgtga tccccacccc aaaaaaaaaa720
   aaaaaaaaaa aaa                                     733

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 720 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```
20  cttctcccg tttctttttt tctttttttt cttttttttt ttttttttta aatttgacca 60
    aaaaaaattt attgtacaat taccaccac tggatttgac tcagagagga ccccagagg120
    gtgtctccat cttccctatt tattttcagc ccttgagggc ttcatgttag atcaaagcca180
    agggccccag gaaggtgaca tactcctgga agttcacctc ctggtccttg ttccggtcca240
    agtcttccat cagccttgca atttcagcat cctgcagctt cgagccaatg gtgagctcct300
    tctggatcag ctcttccagc tcttctttgc tcaggggtgtg cttgtcacc tccctgccgg360
25  agtacttgtg gaagatggc acgaggaggc caatggcctg atccaggggg catgccatgg420
    ctgagggctg ggcttgaggc ggtagggagg cggccaaatg cgacgcgagc ggtcgagggg480
    atgggctgtg tcgcagtcgc actggcctta tagcggtcgg tgccccggag gccagctcgg540
    ccaagccac cccgcccgc caagtcgcgc ccgcgcccc cctgcgccg tggcttacac600
    aacgcacatt cgcggtttac cccctcgact ttccacgcct cctgcccggg gctgttcgg660
30  gttaggacgg gatgggggag cccagcagtg cccactgcac gcctggtgac gactctccc720
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2124 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

5   caaacacgcg ggtcagctga tccggcccaa ctgcccgcgc acccggtat aagcgcacgg 60
    cctcggcgac cctctccgac ccggccgcgc ccgccatgca gccctccagc cttctgccgc 120
    tcgccctctg cctgctggct gcacccgcct ccgcgctcgt caggatcccg ctgcacaaagt 180
    tcacgtccat ccgcccggacc atgtcggagg ttgggggctc tgtggaggac ctgattgcca 240
    aaggccccgt ctcaaagtac tcccaggcgg tgccagccgt gaccgagggg ccattccccg 300
    aggtgctcaa gaactacatg gacgcccagt actacgggga gattggcatc gggacgcccc 360
    cccagtgtct cacagtcgtc ttcgacacgg gctcctccaa cctgtgggtc ccctccatcc 420
10  actgcaaact gctggacatc gcttgctgga tccaccacaa gtacaacagc gacaagtcca 480
    gcacctacgt gaagaatggt acctcgtttg acatccacta tggctcgggc agcctctccg 540
    ggtacctgag ccaggacact gtgtcgggtc cctgccagtc agcgtcgtca gcctctgccc 600
    tgggcgggtgt caaagtggag aggcaggtct ttggggaggc caccaagcag ccaggcatca 660
    ccttcacatgc agccaagttc gatggcatcc tgggcatggc ctacccccgc atctccgtca 720
15  acaacgtgct gcccgcttc gacaacctga tgcagcagaa gctgggtggac cagaacatct 780
    tctccttcta cctgagcagg gaccagatg cgcagctggg ggtgagctga tctgtgggtg 840
    cacagactcc aagtattaca agggttctct gtccctacctg aatgtcaccg gcaaggccta 900
    ctggcaggtc cacctggacc aggtggaggt ggccagcggg ctgaccctgt gcaaggaggg 960
    ctgtgaggcc attgtggaca caggcacttc cctcatggtg ggcccgggtg atgaggtgcg 1020
20  cgagctgcag aaggccatcg gggccgtgcc gctgattcag ggcgagtaca tgatccccctg 1080
    tgagaagggtg tccaccctgc ccgcgatcac actgaagctg ggaggcaaag gctacaagct 1140
    gtccccagag gactacacgc tcaagggtgc gcaggccggg aagacctct gcctgagcgg 1200
    cttcatgggc atggacatcc cgcacccag cgggccactc tggatcctgg gcgacgtct 1260
    catcggccgc tactacactg tgtttgaccg tgacaacaac aggggtgggtc tcgccgaggc 1320
25  tgcccgcctc tagttcccaa ggcgctccgc cgccagcaca gaaacagagg agagtcccag 1380
    agcaggaggc ccctggccca gcggccctc ccacacacac ccacacactc gcccgccac 1440
    tgtcctgggc gccctggaag ccggcggccc aagcccgact tgctgttttg ttctgtggt 1500
    tccccctccc tgggttcaga aatgctgct gctgtctgt ctctccatct gtttggtggg 1560
    ggtagagctg atccagagca cagatctgtt tcgtgcattg gaagaccca ccaagcttg 1620
30  gcagccgagc tcgtgtatcc tggggctccc ttcatctcca gggagtccc tccccggccc 1680
    taccagcgcc cgctgggctg agccctacc ccacaccagg ccgtcctccc gggccctccc 1740
    ttgaaaacct gccctgctg agggccctc tgcccagctt gggcccagct gggctctgcc 1800
    accctacctg ttacgtgtcc cgggcccgtt gaggatgagg ccgctagagg cctgaggatg 1860
    agctggaagg agtgagagg gacaaaaccc acctgtttgg agcctgcagg gtggtgctgg 1920
35  gactgagcca gtcccagggt catgtattgg cctggagggt ggggtgggat tgggggctgg 1980
    tgccagcctt cctctgcagc tgacctctgt tgcctcccc ttgggcggct gagagcccca 2040
    gctgacatgg aaatacagtt gttggcctcc ggcctcccc caaaaaaaaaa aggagaaaaa 2100
    aaaaaggcgg ccgccgacta gtga

```

2124

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 928 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

cggaacggtgg gcgcctgctg gcctccccctt acagtgtttg ttccggggcgc tccgctggct 60
tcttggaaca ttgcgccatg tgtgctgctc ggctagcggc ggccggcgcc cagtcggtgt120
atgccttctc ggccgcgccg ctggccggcg gggagcctgt gagcctgggc tccctgcggg180
gcaaggtact acttatcgag aatgtggcgt ccctctgagg caccacggtc cgggactaca240
cccagatgaa cgagctgcag cggcgccctcg gaccccgggg cctggtggtg ctccgcttcc300
cgtgcaacca gtttgggcat caggagaacg ccaagaacga agagattctg aattccctca360
agtacgtccg gcctggtggt ggggttcgagc ccaacttcat gctcttcgag aagtgcgagg420
tgaacggtgc gggggcgcac cctctcttcg ccttcctgag ggaggccctg ccagctccca480
gcgacgacgc caccgcgctt atgaccgacc ccaagctcat cacctggtct ccggtgtgtc540
gcaacgatgt tgccctggaac ttgagaagt tccctggtggg ccctgacggt gtgcccctac600
gcaggtacag ccgcccgttc cagaccattg acatcgagcc tgacatcgaa gccctgctgt660
ctcaagggcc cagctgtgccc tagggcgccc ctccctacccc ggctgcttgg cagttgcagt720
gctgctgtct cggggggggtt ttcattctatg aggggtgttc ctctaaacct acgagggagg780
aacacctgat cttacagaaa ataccacctc gagatgggtg ctggtcctgt tgatcccagt840
ctctgccaga ccaaggcgag ttccccact aataaagtgc cgggtgtcag cagaaaaaaa900
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 928

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 297 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

gcggcggtgag aagccatgag cagcaaagtc tctcgcgaca ccctgtacga ggccggtgcgg 60
gaagtccctgc acgggaacca gcgcaaggcg cgcaagttcc tgggagacgg tggagttgca120
gatcagcttg aagaactatg atccccagaa ggacaagcgc ttctggggca ccgtcaggct180
ttaagtccca ctttcccgcc ccctaaagtt tctctgtgtg gtggtccctg gggggaccca240
gcgagccaac tgtggacgga gggctaaagg cccgttggga ataatcccc ccaacat 297

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1837 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

agcaggaggt tttcaacctt gtcacagagc agcacctacc ccctcctcct ttccacacct 60
gcaaactctt ttacttgggc tgaatattta gtgtaattac atctcagctt tgagggtctc 120
tgtggcaaat tcccggatta aaagggtccc tggttgtaa aatacatgag ataaatcatg 180
aaggccacta tcatcctcct tctgcttgca caagtttctt gggctggacc gtttcaacag 240
agaggcttat ttgactttat gctagaagat gaggttcttg ggataggccc agaagttcct 300
gatgaccgag acttcgagcc ctccctaggc ccagtgtgcc ccttcgctg tcaatgccat 360
cttcgagtgg tccagtgttc tgatttgggt ctggacaaag tgccaaagga tcttccccct 420
gacacaactc tgctagacct gcaaaacaac aaaataaccg aaatcaaaga tggagacttt 480
aagaacctga agaaccttca cgcattgatt cttgtcaaca ataaaattag caaagttagt 540
cctggagcat ttacaccttt ggtgaagttg gaacgacttt atctgtccaa gaatcagctg 600
aagggaattgc cagaaaaaat gccaaaaact cttcaggagc tgcgtgccca tgagaatgag 660
atcaccaaag tgcgaaaagt tactttcaat ggactgaacc agatgattgt catagaactg 720
ggcaccaatc cgctgaagag ctccaggaatt gaaaatgggg cttccagggt aatgaagaag 780
ctctcctaca tccgcatgac tgataccaat atcaccagca ttctcaagg tcttctcct 840
tcccttacgg aattacatct tgatggcaac aaaatcagca gagttgatgc agctagcctg 900
aaaggactga ataatttggc taagttggga ttgagtttca acagcatctc tgctgttgac 960
aatggctctc tggccaacac gcctcatctg agggagcttc acttgacaa caacaagctt 1020
accagagtac ctggtgggct ggagagcat aagtacatcc aggttgtcta ccttcataac 1080
aacaatatct ctgtagttgg atcaagtga tctgcccac ctggacacaa caccaaaaag 1140
gcttcttatt cgggtgtgag tcttttcage aaccgggtcc agtactggga gatacagcca 1200
tccaccttca gatgtgtcta cgtgcgctct gccattcaac tcggaaacta taagtaattc 1260
tcaagaaagc cctcattttt ataacctggc aaaatcttgt taatgtcatt gctaaaaaat 1320
aaataaaagc tagatactgg aaacctaaact gcaatgtgga tgttttacc acatgactta 1380
ttatgcataa agccaaattt ccagtttaag taattgccta caataaaaag aaattttgcc 1440
tgccattttc agaatcatct tttgaagctt tctgttgatg ttaactgagc tactagagat 1500
attcttattt cactaaatgt aaaatttggg gtaaatatat atgtcaatat ttagtaaagc 1560
ttttcttttt taatttccag gaaaaataaa aaagagtatg agtcttctgt aattcattga 1620
gcagttagct catttgagat aaagtcaaat gccaaacact agctctgtat taatccccat 1680
cattactggt aaagcctcat ttgaatgtgt gaattcaata caggctatgt aaaattttta 1740
ctaattgcat tattttgaaa aaataaattt aaaaatacat tcaaaattaa aaaaaaaaaa 1800
aagaggagaa gaaaaagggg aaaaaaaagg ggggtgag

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1346 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```
cggtccggg cagccagcgc aggggcttct gctgaggggg caggcggact tgaggaaacc 60
gcagataagt ttttttctct ttgaaagata gagattaata caactactta aaaaatatag 120
tcaatagggt actaagatat tgcttagcgt taagttttta acgtaatttt aatagcttaa 180
gattttaaga gaaaatatga agacttagaa gagtagcatg aggaaggaaa agataaaagg 240
tttctaaaac atgacggagg ttgagatgaa gcttcttcat ggagtaaaaa atgtatttaa 300
aagaaaattg agagaaagga ctacagagcc ccgaattaat accaatagaa gggcaatgct 360
tttagattaa aatgaagggt acttaaacag cttaaagttt agtttaaaag ttgtaggtga 420
ttaaaataat ttgaaggcga tcttttaaaa agagattaaa ccgaagtgat taaaagacct 480
tgaaatccat gacgcaggga gaattgcgtc atttaaagcc tagttaacgc atttactaaa 540
cgcagacgaa aatggaaaga ttaattggga gtggtaggat gaaacaattt ggagaagata 600
gaagtttgaa gtggaaaact ggaagacaga agtacgggaa ggcgaagaaa agaatagaga 660
agatagggaa attagaagat aaaaacatac ttttagaaga aaaaagataa atttaaacct 720
gaaaagtagg aagcagaaga aaaaagacaa gctaggaaac aaaaagctaa gggcaaaatg 780
35 tacaacttta gaagaaatt ggaagataga aacaagatag aaatgaaaa tattgtcaag 840
agtttcagat agaaaatgaa aaacaagcta agacaagtat tggagaagta tagaagatag 900
aaaaatataa agccaaaaat tggataaaat agcactgaaa aaatgaggaa attattggta 960
accaatttat tttaaaagcc catcaattta atttctggtg gtgcagaagt tagaaggtaa1020
agcttgagaa gatgagggtg tttacgtaga ccagaaccaa tttagaagaa tacttgaagc1080
40 tagaagggga agttgggttaa aaatcacatc aaaaagctac taaaaggact ggtgtaattt1140
aaaaaaaact aaggcagaag gcttttgga gagttagaaa agaatagaga agataggga1200
attagaagat aaaaacatac ttttagaaga gaaaagataa atttaaacct gaaaagtagg1260
ccctgcagtc ctactacagt ctgggtggg gtcctaagag gaggggtccc acctcagccc1320
45 ctgtcagggt ccactggggg gggggg 1346
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 251 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

15

```
ggagccgcag ggcccgtagg acgcccattg ggcgccagcc cggaatggca tggctcttgaa 60
gccccacttt ccacaaggac tggcagcggc gcgtggccac gtgggttcaac cagccggcccc120
gtaagatccg cagacgtaag gcccggaag ccaaggcgcg cgggatcgcc cgcggcccgcl80
gtgggggtccc atgcgggcca tgggtgcgctg ccccaagggt tggtagcaca cgaagggtggc240
20 gccggccgcg g                                     251
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

25 (A) LÄNGE: 257 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 63:

40

```
KNLSQLEPRE NAKEEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLP RR 60
RSPASPRSAH LHLGGLLEHF HLALADLLDV EGEWHLVDR GLGARVHHV V GREGFAQLVP120
RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLLG EGL180
LEV VHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSSS PSFSGSASDS240
45 FSDLLMLSLA GSFTSSW                                     257
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

50 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 64:

KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60
EGLLQGEDGE DQGAYPREPG EDAPQDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120
AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHRDGG GGRSGGRPAT180
CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 65:

GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 66:

5 GEGRVWNPEG SKSRHWPDPH APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60
IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

10 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 67:

25 GLTLKKGTFP RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDELI SWNAFQDWKS60
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

30 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 68:

DVLDSLNNWDG ESSMTGTRGE FSCLEFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 69:

15 LGSRRREQKGP GRMTAQLVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPR L CGQLGQPPVR 60
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLPRSVL 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 70:

35 READPVARTA SAGSKTRRNP NQNGWRLVGP GSYSSSLGRE PGPGPSSSPG LSAHDGTQVR 60
VHAGFCLGLH PSGAPRPQGO SRGRHQAPSY TGSSAPPPGA GVAEGDPGFS RGHWGTVRYS120
PRLFSGGSPT GMGSDSGGS QGHLEP 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 71:

5 QDASGKVTLG RGGCNLPPAR AQGPQRVSCN NAGPERTQPG TFPSLAGARS SSHRRGFSPD 60
GRLTQLPAQP RLVAKLGETR TRTDGGSWGP AATPLRWAEN QGLGRHPPRA FLLTTGPKSG120
SMQGSAAWAST PAGPPDPRAK AVGGTKPRAT RGHLLHPLGQ GWLRGTLVSP EDTGGL 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- 10 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 72:

25 KMRKLRLREV KYLAQGHTAR IFHLTQIKKV RKQDFQKEAQ HFRLLAGPHE GHWNVFLAQT60
LELKVTASPD KVTKT 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- 30 (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 73:

50 VQNIYPPKP QTNLRRFAPG NTEASDLVEI YLWKLVKDEE TEAQRGEVPG PRPHSQNLPL 60
DSDQESQEAR LPERGTALPT ARWPPRRSLE RLPSPDPGAE GHGQSRQSDQ DITKT 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 74:

15 EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSGCV ALGQVLHLSE PQFPHELLPAS60
RGRSPSPRP RCSQGQSDGG WSGALGDTGC FGR 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

20 (A) LÄNGE: 184 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 75:

RPRPWFSQR RGVAAGPHEP PSVLVRVSPS FATSRCAGN WVSLPSGEKP RLWEDRAPA 60
REGKVPVCVL SGPALLQDTR WGPCALAGGR LQPPRPNVTF THSLSSCPPV TPSPSPSSH120
HPFRSARAFP EASCDSGRGD TSLRGRPHGV TRPAPMRIRP PLHLGALAAR FPLTPLFRVL180
40 LNSG 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

45 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 76:

LGSRRQKGP GRMTAQALVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRL CGQLGQPPVR 60
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLHSQSEFL120
SACHALTTLF FQPPFPFERS GLPRSVL 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 77:

VKVTLGRRGC NLPPARAQGP QRVSCNNAGP ERTQPGTFPS LAGARSSSHR RGFSPDGRLT 60
QLPAQPRLVA KLGETRTRTD GGSWGPAATP LRWAENQGLG RHPPRAFLLT TGPKSGSMQG120
SAWASTPAGP PDPRAKAVGG TKPRATRGHL HHPLGQGWLR GTLVSPEDTG GL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 78:

IVIISVLHWG ILLEASFQKF CLKKN SGFVL LFQMR YHRGL GLDCHQHTAI LFVCSY 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 79:

LMRATWVKKL PVNSHHFCPS LGNTERGQFP KILLKKEFWF CLTLPDEISQ RLGPRLLSSAY60
CYTIRLFLLS LIVCNA 76

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 80:

QYADDNLGPS LCDISSGRVR QNQNSFLSRI FGNWPLKVFP NEGQK 45

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- (A) LÄNGE: 465 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 81:

5 EREERQKEPA TVVSGPLRGA SRTGGSPGGC RGRTRQRRRP GNNGRGVAASL SSGREVQRVP 60
HTNVSTVSDA VYPPAHQLLR ENAKAGHPPA LRRQYLRLRG QLLGORYGPL SEPGSARAYS120
NSIVRSSRTT LDRMEDFEDD PRALGARGHR RSVSRGSYQL QAQMNRVYE DRPPGSVVPT180
SAAEASRAMA GDTSLSENYA FAGMYHVFQ HVDEAVPRVR FANDDRHRLA CCSLDGSISL240
10 CQLVPAPPTV LRVLRGHTRG VSDFAWSLSN DILVSTSLDA TMRIWASEDG RCIREIPDPD300
SAELLCCTFQ PVNNNLTVVG NAKHNVHVMN ISTGKKVKGG SSKLTGRVLA LSFDAPEGRL360
WAGDDRGSVF SFLFDMATGK LTKAKRLVVH EGSPVTSISA RSWVSREARD PSLLINACLN420
KLLLYRVVDN EGTQLKRSF PIEQSSHPVR RSSVPSCPSA RGPAW 465

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- 15 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 82:

SSNLLRQALM SSEGSRASRL TQDRAEMLVT GLPSCCTKRL ALVSFPVAIS KRKEKTLPRS 60
SPAQSSRPGA SKDRARTRPV SLLEPPFTFL PVEMFMTCTL CLAFPTTVRL LLTGWKVQQS120
SSALSGSGIS RMQRPSSEAQ MRMVASSEVD TRMSLERDQA KSETPRVWPR STRSTVGGAG180
35 TSWHREMLPS SEQQARRCRS SLAKRTLGA SSTCWSKT 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- 40 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 83:

PRRGQWIPTA QPVPSMPWDA SPHPGLFLCS EVPSRPPQSR PKPHVPCPGT AWAMRGASRG 60
RHHHLTAGDP PSPSPLSAPD SLAIARRWPQ QAPRFCSRG ELADRAPLNR TPSHQPRPCF120
VWPHVSQIF 129

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 84:

APRDLTQHPR RPPGGAWAAP QSHSSTLYLC KALSAVLRGG WVGREGLGQA LSSLSLWVGQ 60
EVPPTRLGRL GASASGLVNM YDVLCCFFNQG GASGFPQHNR SLPCPGMPHH TQVSSFALRS120
LQGLPNPGQS PMCLVQELPG PCEGPAEGAT TT 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

30

(A) LÄNGE: 220 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 85:

45

FFLFYSFFVF VIFFFFGFCC FVFFFLFFFL VLRKSETREA RQSKAGAGGM GCGSGGPGLP 60
TQLLCCKSGV LVGAISWQWQ VSLEQRGERG WVGPOPSGGG GALCWPLAWP RQFLDKAHGA120
LAWIGEALKG PQSKGRDLGV VRHPRAWKGP VVLWESTGPS LVKKAQHIIH IYQTRSAGPK180
SPQPGRGNLL ANPQRRERGES LPQPLPAHPP TPEDCRECFA 220

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(A) LÄNGE: 163 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 86:

RMRIANRTRF SSPFLARGAG WTHGRGMMVV GTGTSLALSS LLSLLLFAGM QMYSRQLAST 60
EWLTIQGGLL GSGLFVFSLT AFNNLENLVF GKGFQAKIFP EILLCLLLAL FASGLIHRVC120
VTTCFIFSMV GLYYINKISS TLYQAAAPVL TPAKVTGKSK KRN 163

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 87:

WWWVRAPRWR SPPSCPCCSL LGCRCCTAVSW PPPSGSPSRA ACLVRVSSCS RSLPSIIWRI 60
LSLAKDSKQR SSLRFSCASC WLSLHLASST ESVSPPASSS PWLVCTTSTR SPPPCTRQQL120
QSSHQPRSQA RARRETDPEC SIKLILCKKK KKKK 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 88:

5 FFFFFFFLQRI NFIEHSGSVS LLALACDLGW CEDWSCCLVQ GGGDLVDVVQ TNHGEDEAGG 60
DTDSVDEARC KESQQEAQEN LREDLCLESF AKDKILQIIE GSEREHEETR TKQAALDGEPI20
LGGGQLTAVH LHPSKEQQGQ EGGERQRGAR THHHHAPPVS PTGASGQERR AEPGAVSYAH180
ASAL 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- 15 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 89:

30 SNQRTIRKGS LSLDGTGPQR GKSDLPKVVS KLLAQEPSF LTERNISPLH CASSAGPLT60
CDVTLKRPWQ LLAIELPFQN PSTAQCGDRG 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 35 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 90:

50 PLSPHWAVEG FWKGSSMARS CQGLLSVTSQ VRGPAELLAQ CSGEMLRSVR KLGSCHASSL60
LTTLGKSLFP LWGPVSKRLN EPFLMVL 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 91:

LLSYLCKMKT GHYPSLKRNW GIPGLPLLLW PKAEQILLYP LPKWNAQCNS SFPYETGRVP60
GPRPGPRLSR HIIASKLKHT SSHNLDLIPN PKF 93

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 92:

RQYSYSCMGG MLAICDVAEY RKCAKDFKIP MVLHLFDTLH ALCNLLVVAP DNLKQVCSGE60
QLANLDKNIL HSFVQLRADY RSARLARHFS 90

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 93:

NNDWNKTA AI LTFEVLFKVW IPLAIFCFFP LTLNFNSILE CRNFRFSKTT CHCFYPRKCC60
CQKAKEMPLV FSVLVLLTYS I 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 94:

SKSAQENLL IWTRIYFTPS YNFVLIIDL P ALLDTS AEIE FTKEFSVSSF TEECLILQQP 60
SVDRKHRRYL MTQPTFCETM TGTKQQPYLP LRFYLFKFGYH 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 95:

ERFLTTC DGH RACSTYRTIY RTAYRRSPGL APARPRYACC PGWKRTSGLP GACGAAICQP 60
PCRNGGSCVQ PGRRCRCAGW RGDTCQSDVD ECSARRGGCP QRCVNTAGSY WCQCWEGHSL120
SADGTL CVPK GGPPRVAPNP TGVDSAMKEE VQRLQSRVDL LEEKLQLVLA PLHSLASQAL180
EHGLPDPGSL LVHSFQQLGR IDSLSEQISF LEEQLGSCSC KKDS 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 96:

GPTWPWDAVG VARVGVARGG FTEKIPAHPM PGSGEPPEEG EEEEEEGPAW PSAQSPRGGF 60
WTPSMLGRGM GAAGRREGLS PAWGAGQSRV FLAGAGPQLL LQEGNLLAQG VDAAELLEGV120
HQEAAGVREP MLQCLRGQAV QWGQHQLQLL LQQVHPGLQP LHFFLHCTVH SCRVGHPGG180
20 PSLGHTECTV CRQAVPLPTL APVTAGGVDA ALGTAAPPST AFIHI 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 97:

40 VQLAFVGQKS RLGSGAGHDG GGYGHLAAL LPPVPAALCW DAGVRPSAGL RRVARRPGRA60
AWFG 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 98:

FSSRLARRA GWAQGRGMMV VGTGTSLALS SLLSLLLFAG MRVCGRPLAS AGWLAVRGGL60
LGSG 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 99:

TRTKQPAPDG EPPGGGQRTA AHPHPSKEQQ GQEGGERQRG ARTHHHHAPP LSPTGSSGQQ60
TRAE 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 100:

WVREQGVKLG SACISGPLGN VPFFSVRAQC QCAYGAQRSR HCAAPALPQC ALS 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 101:

LAQSALGQGW GSTMSTPLGT ICTLALSSDT EEGDIPKGTR NTGRP

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

20

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 102:

GPAARLPQVT GPQALASSER TGAGLGQHNV YSSGHHMHTG TEL

43

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 103:

5 RMFHGIPATP GIGAPGNKPE LYEEVKLYKN AREREKYDNM AELFAVVKT M QALEKAYIKD 60
CVSPSEYTAA CSRLLVQYKA AFRQVQGSEI SSIDEFCRKF RLDCPLAMER IKEDRPITIK120
DDKGNLNR CI ADVVSLFITV MDKLRLEIPR HG 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

10 (A) LÄNGE: 170 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

ROCKPWRRPT SRTVSPFAST LQPAPGSWSN TKLPSGRSRA QKSALLTNSA ASSAWTARWP 60
WSGSRRTGPS PSRTTRATST AASQTWSRSS SRSWTSCAWR FRAMDEIQPD LRELMETMHR120
MSHLPPDFEG RQTVSQWLQT LSGMSASDEL DDSQVRQMLF DVESATKLNA 170

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

35 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

50 ALSFVADSTS NSICRTCESS SSSDADMPLR VCSHWLTVWR PSKSGGRWLM RCMVSISSRR 60
SGWISSMARN LQAQLVHARD EERDHVCDAA VEVALVLDG DGPVLLDPLH GQRAVQAELA120
AEFVNRA DF 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

```
RAGGGGGQYC ERGEAAAQGE POHELAGHAA LHAAPARDHP QAGQRVGALP AGEQDPEPDS 60
RHAAAGQQVQ GPQAQVPAPG HTGPQPIRDH RAVEEHCQRV PSARPVPQPP PAAPPRVYQP120
PTYNRIINQI STNEIQSDQN LKVLPPPLPT MPTLTSLPSS TDKPSGPWRD CLQALEDGH180
20 TSSIYLVKPE NTNRLMQVWC DQRHDPGGWT VIQRRLDGSV NFFRNWETYK QGFGNIDGEY240
WLGLENIYWL TNQGNKLLV TMEDWSGRKV FAEYASFRLE PESEYYKLRL GRYHGNAGDS300
FTWHNGKQFT TLD RDHDVYT GNCAHYQKGG WWYNACAHSN LNGVWYRGGH YRSRYQDGVY360
WAEFRGGSYS LKKVVMIRP NPNTFH                                     386
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 338 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 107:

```
VRASSELSPV DSVLVAAPVM APAVPDPVEV GVGTVIPPA SLLVVGTVSC VDIMISVQGG 60
ELLAVVPCKG VTRIAMPAPQ PQLIILALRF QAETGVFCKD FAAGPVLHGH QEFVVALVRQ120
45 PVNVLQAQPV FAVNVPKPLL VRLPVPEEVN RAIQASLDDG PAPGVVSLVA PHLHEAVGVL180
RLHQVDGAGV VAILQGLQAV SPWARRLVGG RWEAGESGHS GQRGWQHLQV LVTLDLVGRD240
LVDDAVVGGW LVDPGRGSGG WLGDGPGRGH PLAVLLNCAM ISDWLWASVA RCWYLCRSRL300
YLLASCMSA VWFRIIFSSW ESSNALSRLR MISCRSCM                                     338
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 108:

15 SKTGEEERSE REGKPEIEGK PESEGEPPGSE TRAAGKRP AE DDVPRKAKRK TNKGLAHLK 60
EYKEAIHDMN FSNE DMIREF DNMAKVQDEK RKSKQKLGA F LWMQRNLQDP FYPRGPREFR120
GGCRAPRDI EDIPYV 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

20 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:

35 ISLHPQKRPQ FLFAFSLIL HLSHIVKFSY HVLIAEIHIM YGLFILLEVM SQPLISFSFG60
FPGYIILSWA LSCSPCFTPW LSFTLWLSLY LWFSLSL 97

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 398 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

5 QDGGRRQWRW WEAQSKSDAD SGFLGLRPTS VDPALRRRRR GPRNKKRGWR RLAQEPLGLE 60
VDQFLEDVRL QERTSGGLLS EAPNEKLFFV DTGSKEKGLT KKRTKVQKKS LLLKKPLRVD120
LILENTSKVP APKDVLHQV PNAKKLRRKE QLWEKLAKQG ELPREVRRAQ ARLNPSATR180
AKPGPQDTVE RPFYDLWASD NPLDRPLVGQ DEFFLEQTKK KGVKRPARLH TKPSQAPAVE240
VAPAGASYNP SFEDHQTLIS AAHEVELQRQ KEAEKLERQW PCPPRSRPPP RSPHSRSCAR300
10 GCWRSRMVRG SQARARGRRW GCRGLSHARP PGHHREEDGA AAAAGEGCAQ AAGTAGRVAG360
RPAPAPGAVP AARDQGPGGP EAGGTGAAAE AAAGAAGG 398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- 15 (A) LÄNGE: 307 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

30 WQLQLDLTER PLLHQLHLVL AFELGSL SRL DHIPPLEALE PVSKDVALGL QGPVERVCQLR 60
AQLHVDVRCL VLEPSQPSGL VLSLPPRLP PPPPPQRSRQ PQGHLGLDPA QPEQLLVPEP120
GGPQRGLLYP QPVHSLPPPP LLLRLLLCGG QAGGRGTDLG IPTSGPSPWP GSPSPSDSSS180
SPSHSSWNVD SWVAACSVAG RATAAPASPP PSAAATPPRG PLRAGSGGLQ RMDCKRLRQA240
35 PPPRRAPGTA WCAGVLAASL LSSWSAPGKT HPGQPTACPG GCLRPRGRRR AALRCPGARA300
WPLLQKG 307

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- 40 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDLFD LSQVEDSFYQ LPEVDLHQVR GLVFQGKATQ 60
VVWAFGDTDV WTRTRPGALG HLVELISLWP GSALSSGQIL QHFPATFSG 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 178 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

TPSASLFPSI LGEREARSTP APTGLSAPLS FIPRHFRPKG AGSTTVKIVL KEKHKKACVH 60
GGKTYSHGEV WHPAFRAFGP LPCILCTCED GRQDCQVTC PTEYPCRHPK KVAGKCKKIC120
PEDKADPGHS EISSTRCPKA PGRVLVHTSV SPKAQTTCA LPWNTRPRTW WRSTSGSW 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

PVPPSTPAVT PRKWLGSAAR FAQRTKQTLA TVRSVLPQVP RHRAGSSSTH RYPQRPRQPA 60
SLCPGTRGLG LGGDPPEAG KRNLPLDSDQ ESQEARLPER GTALPTARWP PRRSLERLPS120
PDPGAEGHGQ SRQSDQDITK T 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 115:

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCF CGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTQRQL NKEKFNF KYQ VLSNISQTS D FIKGLPANKV HPKYTG EKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 116:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPOSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQ L LSSL YGSRKNSTKM60
TGH PMSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 117:

SCRCFYCMPD MPLTRFW RTP NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60
SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

30 CCAGTCAAGA ATCTCCCACT AAGCTTCAAA GTAGTGGATT ACAGCATGGC AACCATGCCA 60
GTAATTTGAA ATTTAGTAGA GAGGCTTTTCG CTTAGTAGAG ATGGGTTTTT GCAGGCTGCT 120
CCCGAACTCC TGACCTCACC CCACCCGCGG CAACCCCCC ATCGGGCCCC CAAAGTGCTG 180
GGGTTACAGG CTTAAGCCAC CAAGCCCGGC CGACCTTCTT CTATTTTTC ATTCTCCTT 240
CCAAAGCCAT GGCCATGCGC TCCTGTGTAC AGGTGCATAA ACACATCAGT GTGCCATCCC 300
35 TCACATGCAT GTCGTTCCCC ACCCTCCTT CCCAGGGCTT CTCTTGGCTC CAGCGTTCCT 360
CTGGGACCCT CTGCAGATAC AGCCTGTGCT GGACCCCCAG CCAGGGTGAG GGCTCATTCT 420
GCTCTGTCTT CCCCCTGCC TCAGTTTCCC CCAAAGCTG CTTTCACGTC CTTCTAGTAG 480
GGGGCCTCCC ATGGGGGCAA GGATCCCCTT TAGGATTCAA TCTTTCCTCT TTGGGCAGTT 540
TTGGCTTTGA GTCCCCCAGG GATCAGGGTG AGAATGAAGA AGAGCTCAGT GAGCGGAATG 600
40 ACAGCAGCTG GGTGGGTGTG GTGGGGAGAG GCTGAGGGGA AGGCAGCTCT AAGACTGGGA 660
GTGGAGTTCC TGGAGGTGTG GGGAGGGGGG CGTGTTTTCA ATTTAGAAAA ATCTCAGCCA 720
GCTCGAGCCG AGAGAGAATG CGAAAGAGGA AGTTCGGAAG GAGCGAGGAA TGGGGTGGGT 780
GGCAGCGGGG GCCGCTCAGT CGCTGTGCT CTTGTCCACC AGCACGGCGT CCGACTCCTC 840
GGTGATCTCC AGCAGCGCGT GCACGTCGGG GCTGCTCCCG CGCCGCAGGT CGCCGGCCTC 900
45 CCCCCGCTCC GCGCCGCCCT CGTCGTCGTC GGCGCCACC TCCACCATCT CCGTGGCCTT 960
GAGCACTTCC ACCTGGCCCT CGCGGATCTT CTTGACGTGG AAGGTGAAGG GTGGCACCTT1020
GTAGACCGCG GTCTTGAGC GCGCGTACAC CACGTGGTCG GCGGTGAAGG ATTTGCGCAA1080
CTTGTCGCGG GACGTCTTCA GTTTCTCGCG CCGCTCGGCG GGCACCAGGC GCGTGCCAG1140
CTTGTTTCATG CGTTCTTCCA GGGTGTGCGG CGTCTTCTCC AGGTTTTCTT TGGTCTTGAG1200
50 GCGCGTCTTC TCCAGGTTCT CGCGGGTACG CACCTTGGTC TTCTCCATCT TCTCCTTGA1260
GAAGGCCTTC TTGAAGTCGT CCACGCGCCG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCGG1320
GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380
GCGTCCTCCT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGCTCCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440
TCCGACTCTT TCAGCGATTT GCTGATGCTC AGTTTGCCG GCAGCTTCAC TTCATCCTGG1500
55 TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCG AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560
TTGATCTGCC CCGCCTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620
TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGTG CGCCTTGCCC1680

AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740
 TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800
 CTCAGCACCA GCACGCCGTT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCCC1860
 GACGGCTCCT CCGCTGCCTG AGCCCCAGCG GAGGAAGCTC CGGGGCCTCG GCGATCGGGG1920
 5 TACCCGGGCA AGCGGCCCG 1939

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1194 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

30 CGGCTCGAGG TGCCCCCTGGG AACCCCCAGA ATCAGAGCCT CCCATGCCCG TCGGTGACCC 60
 CCCAGAGAAG AGGCGGGGGC TGTACCTCAC AGTCCCCCAG TGTCTCTGG AGAAACCAGG 120
 GTCCCCCTCA GCCACCCCTG CCCCAGGGGG TGGTGCAGAT GACCCCGTGT AGCTCGGGG 180
 TTGGTGCCGC CCACGGCTTT GGCCCTGGGG TCTGGGGGCC CCGCTGGGGT GGAGGCCAG 240
 35 GCAGAACCTT GCATGGACCC TGAATTGGGT CCCGTCGTGA GCAGAAAGGC CCGGGGAGGA 300
 TGACGGCCCA GGCCCTGGTT CTCTGCCAG CGAAGAGGAG TAGCTGCCGG GCCCCACGAG 360
 CCTCCATCCG TTCTGGTTCC GGTTCCTCCG AGTTTTGCTA CCAGCCGAGG CTGTGCGGGC 420
 AACTGGGTCA GCCTCCCGTC AGGAGAGAAG CCGCGTCTGT GGGACGAAGA CCGGGCACCC 480
 GCCAGAGAGG GGAAGGTACC AGGTTGCGTC CTTTCAGGCC CCGCGTTGTT ACAGGACACT 540
 40 CGCTGGGGGC CCTGTGCCCT TGCCGGCGGC AGGTTGCAGC CACCGCGGCC CAATGTCACC 600
 TTCACTACA GTCTGAGTTC TTGTCCGCCT GTCACGCCCT CACCACCCTC CCCTCCAGC 660
 CACCACCCTT TCCGTTCCGC TCGGGCCTTC CCAGAAGCGT CCTGTGACTC TGGGAGAGGT 720
 GACACCTCAC TAAGGGGGCG ACCCATGGA GTAACGCGCC CGGCCCCGAT GCGAATCAGG 780
 CCTCCCCCTAC ATCTGGGGGC GTTGCCGCG AGATTCCCAT TGACACCTTT GTTTCGTGTG 840
 45 CTTTTAAAT CAGGTTAAAT GTTGCAATAA TCTGATGCAG AAGACTCAGC TTCTCAAGGG 900
 AGAGGGAGGG GGCGGACGGA ATAAATAGTA ACTTATTTAA GAAATGCACT TGGATTCCCTG 960
 CCATCAGTCA GGGGCGGGGA AGGGAGTACC ATCCGCAGAT GGGTGCAGCA GGCCTTGGC1020
 CAGCAGGACA CAGGAGACTA GCAGAAGGAA GAGGCCGGGG AGGAAGAAGC CAGCCAGGAG1080
 GGGGAGCCTG GGGTACCCAG ACTCTGAGCC CCCTGATGCG GTGATGTGGC GGCGGATCCA1140
 50 GTTACGCTAG GCAGGGACAC GAGTGTAGAC TCCCCGGCCT GTTGGGGCGG TCGC 1194

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 560 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

```
CAGAGAACGT TTGTCTGCCT GATGAGAGCC ACTTGGGTTA AGAAACTACC TGTGAATAGT 60
CATCATTCTT GTCCTTCATT GGGGAATACT TTTAGAGGCC AGTTTCCAAA AATTCTGCTT120
AAAAAAGAAT TCTGGTTTTG TCTTACTCTT CCAGATGAGA TATCACAGAG GCTTGGGCCT180
AGATTGTCAT CAGCATACTG CTATACTATT CGTTTGTCTT TATTAAGCCT TATTGTGTGT240
AATGCTGTTA CTTTTTCAGA GTGTTGCGGA GATAGGAACA TGGGAGAGAA ACAATCTGGG300
25 TAACATGAAA GTGATGCTGG TTGCTAAGGG AAGGCAACTT GATTCTGTGG GAAGGGCTGT360
AGCTGATCCA TCCGTTGTCT AGATTGAGT ATGAGCACAG TGGAAGAGGA TTCTGACACA420
GTAACAGTAG AAACGTGTGAA CTCTGTGGAC NTTGACTCAG GACACAGAA GGAATCTCA480
TTCTTCACTG GCCTCAGGAA TTAGGGGGGT GNAATAGACT CAAGAGATAG TATTTAACCT540
NNCCACATAA AAGGGTTTGT 560
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3770 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

ATTCCGGAGC GTTTGCGGCT TCGCTTCATG GCCGCTCTCC CGCCCCCTCCT GGGATCTGTG 60
 GGGAGCTGGG GAGCCCGCAG CGGCCCGGAG CCGGAGCTGG CGAGCCGAGC GGAGACCTGT 120
 GCGCCGCGCC TCTGAGGCGC AGCATGTGAA GCGGAGACGG CATCCAGTGG GGGGCGAGCC 180
 TCTCAGCCGG CCGGGATGGC TACCACGGCC GAGCTCTTCG AGGAGCCTTT TGTGGCAGAT 240
 5 GAATATATTG AACGTCTTGT ATGGAGAACC CCAGGAGGAG GCTCTAGAGG TGGACCTGAA 300
 GCTTTTGATC CTAAAAGATT ATTAGAAGAA TTTGTAAATC ATATTCAGGA ACTCCAGATA 360
 ATGGATGAAA GGATTACAGAG GAAAGTAGAG AAAGTAGAGC AACAATGTCA GAAAGAAGCC 420
 AAGGAATTTG CCAAGAAGGT ACAAGAGCTG CAGAAAAGCA ATCAGGTTGC CTTCACAT 480
 TTCCAAGAAC TAGATGAGCA CATTAGCTAT GTAGCAACTA AAGTCTGTCA CCTTGGAGAC 540
 10 CAGTTAGAGG GGGTAAACAC ACCCAGACAA CGGGCAGTGG AGGCTCAGAA ATTGATGAAA 600
 TACTTTAATG AGTTTCTAGA TGGAGAATTG AAATCTGATG TTTTACAAA TTCTGAAAAG 660
 ATAAAGGAAG CAGCAGACAT CATTGAGAAG TTGCACCTAA TTGCCAAGA GTTACCTTTT 720
 GATAGATTTT CAGAAGTTAA ATCCAAAATT GCAAGTAAAT ACCATGATTT AGAATGCCAG 780
 CTGATTCAGG AGTTTACCAG TGCTCAAAGA AGAGGTGAAA TCTCCAGAAT GAGAGAAGTA 840
 15 GCAGCAGTTT TACTTCATTT TAAGGGTTAT TCCCATTTGT TTGATGTTA TATAAAGCAG 900
 TGCCAGGAGG GTGCTTATTT GAGAAATGAT ATATTTGAAG ACGCTGGAAT ACTGTCTCAA 960
 AGAGTGAACA AACAAGTTGG AGATATCTTC AGTAATCCAG AAACAGTCCT GGCTAAACTT1020
 ATTCAAAATG TATTTGAAAT CAACTACAG AGTTTTGTGA AAGAGCAGTT AGAAGAATGT1080
 AGGAAGTCCG ATGCAGAGCA ATATCTCAAA AATCTCTATG ATCTGTATAC AAGAACCACC1140
 20 AATCTTTCCA GCAAGCTGAT GGAGTTTAAAT TTAGGTACTG ATAAACAGAC TTTCTGTCT1200
 AAGCTTATCA AATCCATTTT CATTTCTCTA TTGGAGAAT ATATTGAGGT GGAGACTGGA1260
 TATTTGAAAA GCAGAAGTGC TATGATCCTA CAGCGTATT ATGATTCGAA AAACCATCAA1320
 AAGAGATCCA TTGGCACAGG AGGTATTCAA GATTTGAAGG AAAGAATTAG ACAGCGTACC1380
 AACTTACCAC TTGGGCCAAG TATCGATACT CATGGGAGAG CTTTTCTATC CCAAGAAGTG1440
 25 GTGGTTAATC TTTTACAAGA AACCAAACAA GCCTTTGAAA GATGTCATAG GCTCTCTGAT1500
 CCTTCTGACT TACCAAGGAA TGCCCTCAGA ATTTTTACCA TTCTTGTTGA ATTTTTATGT1560
 ATTGAGCATA TTGATTATGC TTTGGAAACA GGACTTGCTG GAATTCCTC TTCAGATTCT1620
 AGGAATGCAA ATCTTTATTT TTTGGACGTT GTGCAACAGG CCAATACTAT TTTTCATCTT1680
 TTTGACAAAC AGTTTAAATG TCACCTTATG CCACATAATA GCTCTTCTCC TAAGTTATCT1740
 30 GAATGCCTTC AGAAGAAAAA AGAAATAATT GAACAAATGG AGATGAAATT GGATACTGGC1800
 ATTGATAGGA CATTAAATTG TATGATTGGA CAGATGAAGC ATATTTTGGC TGCAGAAGTG1860
 AAGAAAACAG ATTTTAAGCC AGAAGATGAA AACAATGTTT TGATTCAATA TACTAATGCC1920
 TGTGTAAAAG TCTGTGCTTA CGTAAGAAAA CAAGTGGAGA AGATTAAAAA TTCCATGGAT1980
 GGAAGAATG TGGATACAGT TTTGATGGAA CTTGGAGTAC GTTTTCATCG ACTTATCTAT2040
 35 GAGCATCTTC GACAATATTC CTACAGTTGT ATGGGTGGCA TGTTGGCAAT TTGTGATGTA2100
 GCCGAATATA GGAAGTGTG CAAAGACTTC AAGATTCCAA TGGTATTACA TCTTTTTGAT2160
 ACTCTGCATG CTCTTTGCAA TCTTCTGGTA GTTGCCCCAG ATAATTTAAA GCAAGTCTGC2220
 TCAGGAGAAC AACTTGCTAA TCTGGACAAG AATATACTTC ACTCCTTCGT ACAACTCGT2280
 GCTGATTATA GATCTGCCCC CTTGCTCGA CACTTCAGCT GAGATTGAAT TTACAAAGG2340
 40 ATTCAGTGTC AGTTCTTTTA CAGAGGAATG TCTTATACTT CAGCAGCCCT CGGTTGATAG2400
 AAAGCACAGG AGATACCTTA TGACACAGCC AACATTTTGT GAAACAATGA CTGGAACAAA2460
 ACAGCAGCCA TACTTACCTT TGAGGTTTTT TTTAAAGTTT GGATACCACT AGCTATATTT2520
 TCTTTTTTTC CCCTCACATT GAATTTTAAAT TCCATTCTTG AATGTAGAAA TTTTCAAGTT2580
 TCTAAAACCTA CATGTCATG TTTTATCTCT TTAACATATT CCATTTAGAA ATTTTGCCAT2700
 45 ATGTTACCAG TGTTTTCGGT TCTTGACTT AGGAAAACCTA CATTTGTTAT TCCTCAGTTT2760
 TCTGTTTTCC ATTAATAATA GGTGAAATAC AGGAAAACCTA CATTTGTTAT TCCTCAGTTT2760
 TTAATGACCT TTTCAGCATC AATTGTTAAT CAGATTATTT TAGGTTTTTCG TAAATAATTT2820
 TTTTGCCTCT TTCAAAGGT TAACAATTAA GCATACTTTC TGCAGTTGGT TGATTGGATT2880
 TTTTCTGAG GTACAGCATT AATACTAGTC CAAAAAATGT CATAAACTGA ACTAAAATGA2940
 50 TGAACATTTT TATGTAGACA TTAGGAGTGG ATCGGAATAC TTCTGCTTTC TGGGTAACAA3000
 TTAAGAGTTT ACTATTTCTT ATTTGGTAAA TAGATTTTAA GCCAATTCTA GTAAGAAATT3060
 AATAAACTA CTTATTTTGG TATTTCACTT AAGGTGGAGG ACCTTAACTA AAGGACCATA3120
 TTTATTCATT ATTTTAATAT TATAAGGGAA GTAAGGTTATA GTGAGGTATA TCTGATCGTA3240
 TGCATATAGG AAATACTGAC AGTGTTTAGC AACATGCAGC CCTTTGAGAT TTTTAAAGAG3300
 55 ATGCTAAACT TGAATAAGAT GGAATGGCTG AACATGTGGT TAGTCTTTTA TTTTAAAGAG3300
 AATTGAGAAT TGATAGATTT GGAGATGAGC TTTGCAAAGG CTGTTTGCTT TTCATGTCTA3360
 TAGGTCTGTC ATTTGCTCTT TTCAAAGCAT TTCTGAAGTT ATTCTACTT GGATATAGTT3420
 AATGGAATTG GCTTAATTG ATGACATAAT AAATCACTTA TAAAATTTTA AATATCAAGT3480
 GAAAATTTAG AAAGGCCATT ACTATTCTAT AAACCTTATA AACTTGCTCT GGGAGAATGC3540
 60 ATTCTAAATT ATATATAGTG TTTGAGTCC CTTTGTGGT TTCATAGTCT TCTAGGAACA3600
 GATAAACTTA AGTATTCAAT TCACTCTTGG GCATTTTTTC CTTAAGACAC GGCTTTTGTAG3660
 CCGATTTTTG GGAAAACCTG CTTTTCTTCT GAGGAACCTT ATTCTGGAAT GTCATCCACT3720
 TTACCCAAAC CGTTCTAAGG TCCAGAGGCT AACCGAGGTA CTGGTTTAGG 3770

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3541 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

25
GCCAACCAGG GTCAGGCTGT GCTCACAGTT TCCTCTGGCG GCATGTAAAG GCTCCACAAA 60
GGAGTTGGGA GTTCAAATGA GGCTGCTGCG GACGGCCTGA GGATGGACCC CAAGCCCTGG 120
ACCTGCCGAG CGTGGCACTG AGGCAGCGGC TGACGCTACT GTGAGGGAAA GAAGGTTGTG 180
AGCAGCCCCG CAGGACCCCT GGCCAGCCCT GGCCCCAGCC TCTGCCGGAG CCCTCTGTGG 240
30 AGGCAGAGCC AGTGGAGCCC AGTGAGGCAG GGCTGCTTGG CAGCCACCGG CCTGCAACTC 300
AGGAACCCCT CCAGAGGCCA TGGACAGGCT GCCCCGCTGA CGGCCAGGGT GAAGCATGTG 360
AGGAGCCGCG CCGGAGCCAA GCAGGAGGGA AGAGGCTTTC ATAGATTCTA TTCACAAAGA 420
ATAACCACCA TTTTGCAAGG ACCATGAGGC CACTGTGCGT GACATGCTGG TGGCTCGGAC 480
TGCTGGCTGC CATGGGAGCT GTTGCAGGCC AGGAGGACGG TTTTGAGGGC ACTGAGGAGG 540
35 GCTCGCCAAG AGAGTTCATT TACCTAAACA GGTACAAGCG GGCGGGCGAG TCCCAGGACA 600
AGTGACCTA CACCTTCATT GTGCCCCAGC AGCGGGTCAC GGGTGCCATC TGCCTCAACT 660
CCAAGGAGCC TGAGGTGCTT CTGGAGAACC GAGTGACATA GCAGGAGCTA GAGCTGCTCA 720
ACAATGAGCT GCTCAAGCAG AAGCGGCAGA TCGAGACGCT GCAGCAGCTG GTGGAGGTGG 780
ACGGCGGCAT TGTGAGCGAG GTGAAGCTGC TGCAGCAAGGA GAGCCGCAAC ATGAACCTGC 840
40 GGGTCACGCA GCTCTACATG CAGCTCCTGC ACGAGATCAT CCGCAAGCGG GACAACGCGT 900
TGGAGCTCTC CCAGCTGGAG AACAGGATCC TGAACCAGAC AGCCGACATG CTGCAGCTGG 960
CCAGCAAGTA CAAGGACCTG GAGCACAAGT ACCAGCACCT GGCCACACTG GCCCACAACC1020
AATCAGAGAT CATCGCGCAG TTGAGGAGCA CTGCCAGAGG GTGCCCTCGG CCAGGCCCGT1080
CCCCCAGCNA CCCCCCGCTG CCCCCGCCCCG GGTCTACCAA CCACCCACCT ACAACCGCAT1140
45 CATCAACCAG ATCTCTACCA ACGAGATCCA GAGTGACCAG AACCTGAAGG TGCTGCCACC1200
CCCTCTGCCC ACTATGCCCC CTCTCACCAG CCTCCCATCT TCCACCGACA AGCCGTCGGG1260
CCCATGGAGA GACTGCCTGC AGGCCCTGGA GGATGGCCAC GACACCAGCT CCATCTACCT1320
GGTGAAGCCG GAGAACACCA ACCGCCTCAT GCAGGTGTGG TGCAGCAGGA GACACGACCC1380
CGGGGGCTGG ACCGTCATCC AGAGACGCTT GGATGGCTCT GTTAATTCT TCAGGAACCTG1440
50 GGAGACGTAC AAGCAAGGGT TTGGGAACAT TGATGGCGAA TACTGGCTGG GCCTGGAGAA1500
CATTTACTGG CTGACGAACC AAGGCAACTA CAAACTCCTG GTGACCATGG AGGACTGGTC1560
CGGCCGCAAA GTCTTTGCAG AATACGCCAG TTTCCGCTG GAACCTGAGA GCGAGTATTA1620
TAAGCTGCGG CTGGGGCGCT ACCATGGCAA TGCGGGTGAC TCCTTTACAT GGCACAACGG1680
CAAGCAGTTC ACCACCCTGG ACAGAGCTAC TGATGTCTAC ACAGGAAACT GTGCCACTA1740
55 CCAGAAGGGA GGCTGGTGGT ATAAGCCTG TGCCCACTCC AACCTCAACG GGGTCTGGTA1800
CCGCGGGGGC CATTACCGGA GCCGCTACCA GGACGGAGTC TACTGGGCTG AGTTCCGAGG1860
AGGCTCTTAC TCACTCAAGA AAGTGGTGAT GATGATCCGA CCGAACCCCA ACACCTTCCA1920
CTAAGCCAGC TCCCCCTCCT GACCTCTCGT GGCCATTGCC AGGAGCCAC CCTGGTCAACG1980

CTGGCCACAG CACAAAGAAC AACTCCTCAC CAGTTCATCC TGAGGCTGGG AGGACCGGGA2040
 TGCTGGATTC TGTTTTCCGA AGTCACTGCA GCGGATGATG GAACTGAATC GATACGGTGT2100
 TTTCTGTCCC TCCTACTTTC CTTCACACCA GACAGCCCCCT CATGTCTCCA GGACAGGACA2160
 5 GGACTACAGA CAACTCTTTC TTAAATAAAA TTAAGTCTCT ACAATAAAAA CACAACGTGCA2220
 AAGTACCTTC ATAATATACA TGTGTATGAG CCTCCCTTGT GCACGTATGT GTATACCACA2280
 TATATATGCA TTTAGATATA CATCACATGT GATATATCTA GATCCATATA TAGGTTTGCC2340
 TTAGATACCT AAATACACAT ATATTCAGTT CTCAGATGTT GAAGCTGTCA CCAGCAGCTT2400
 TGCTCTTAGG AGAAAAGCAT TTCATTAGTG TTGTATTACT TGAGTCTAAG GGTAGATCAC2460
 AGACTGTGTG GTCTCAACTG AAAGGATCAC CCTTGGCATC TGTGTGCCTG GATTCTTCCA2520
 10 GAATGTCTAC AATGCTAATC TCTCACATAG AGGTTCCAG CTTCTTAAGA ACCCCTTTTG2580
 GCACCTAATC AAATTTCAAA ATCCCTCCCC CCACATTTTC ATACTTTTCC CCATTCTCAG2640
 GACTTTTCAC CATCCATCAC CCACTTATCC CTTCATTTGA CACCATTATC TAAGTGCCTT2700
 CTGTGTGTCA GTCCCTGGCC ACTCACTGCA GTTCAAGGCC CCCTTTCCGC TCTGCTGTAC2760
 TCCTCGCCTA CCTACTCCTT GCCTTTTCTG TCGCACAGCC CTTCTTTTCC AGGCGAGATT2820
 15 CCTCAGCTTC TGAGTAGGAA ACACCTCCGG CTCCAGGTTT CTGGTTGGGA AGGGAAGGCC2880
 AGGCCAAAAG CTCCACCGGC CGTATAGATA ATGTACTCGC AGTTTTGTAT CTTCCATTCA2940
 TACTTTAACC TACAGGTCAT TTGAGTCTTC ACACAAATAA TAACCTATCT GGCCAGGAGA3000
 ATTATCTCAG AACAGAAGTC ATCAGATCAT CAGAGCCCCC AGATGGCTAC AGACCAGAGA3060
 TTCCACGCTC TCAGGCTGAC TAGAGTCCGC ATCTCATCTC CAAACTACAC TTCCCTGGAG3120
 20 AACAAAGTGC AAAAAAATGA AAACAGGCCA CTTCTCAGGA GTTGAATAAT CAGGGGTAC3180
 CGGACCCCTT GGTGTATGCA CTGCAGCATG GTGGCTTTCT GAGTCTGTGTT GGCCACCAAG3240
 TGTACGCTC AGCACTCCCG GCACTATTGC CAAGAAGGGG CAAGGGATGA GTCAAGAAGG3300
 TGAGACCTT CCCGGTGGGC ACGTGGGCCA GGCTGTGTGA GATGTTGGAT GTTTGGTACT3360
 GTCCATGTCT GGGTGTGTGC CTATTACCTC AGCATTCTC ACAAAGTGTA CCATGTAGCA3420
 25 TGTTTGTGT ATATAAAAGG GAGGGTTTTT TAAAAATAT ATTCCAGAT TATCCTTGTA3480
 ATGACACGAA TCTGCAATAA AAGCCATCAG TGCTATTTGG ATGTAAAAA AAAAAAAG3540
 G 3541

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2050 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

55

AGAAAAGTTT ATAAACCAAT TAAGGGAGAA AATAAAATTC AACTAGGCTT GCAGAATAAT 60
 CAGTGGCAAT CATGAAATCC ACTTCCCAAT TTGGCCTACT TCCTTGTAGC TAGTTACTTC 120
 TTAATCCCCC AAGATAGTGT AGCCCTTGTC ACAAGACTGT GTTCCTTTTC TTTTCTATAG 180
 ATAAGATCTA AGGCACATGA GATGATATGC TTTCTGTTTG AGTTTCTCCT TTATGTTACG 240
 CATACTGATA AAATTGTTGA TGCCAGTTGA TCTGAAGGTC CCAGCAAGGA GCCGACTCAC 300
 AGAAGAATGA AGTTTTTACA TCATGATGAT TTAATCTTCC TTGACCTGAG CAATTGACAA 360

5 CCCCCAATTCT CCAGAACCTC ACCCGCCACA ATCCCCCTTAA AAACCCTGGC CCAGAACCCC 420
TCAAGCAGAC AGATGTGAAG CTTGAGGATT CCTTCATCTC TTTGCCCAAT GGCATTGTGA 480
TTATTAAACT CTTTTTCTGC TGCAGGGTCG GCCAGACAAG ATGGCGGCAG GAGGCAGTGG 540
CGTTGGTGGG AAGCGCAGTC GAAAAGCGAT GCCGATTCTG GTTTCCTGGG GCTGCGGGCC 600
ACTTCGGTGG ACCCAGCGCT GAGGCGGCGG CGGCGAGGCC CAAGAAATAA GAAGCGGGGC 660
TGGCGGCGGC TTGCTCAGGA GCCGCTGGGG CTGGAGGTTG ACCAGTTCCT GGAAGACGTG 720
CGGCTACAGG AGCGCACGAG CGGTGGCTTG TTGTCAGAGG CCCCCAATGA AAAACTCTTC 780
TTCGTGGACA CTGGCTCCAA GGAAAAAGG CTGACAAAGA AGAGAACCAA AGTCCAGAAG 840
AAGTCACTGC TTCTCAAGAA ACCCCTTCGG GTTGACCTCA TCCTCGAGAA CACATCCAAA 900
10 GTCCCTGCCC CCAAAGACGT CCTCGCCAC CAGGTCCCCA ACGCCAAGAA GCTCAGGCGG 960
AAGGAGCAGC TATGGGAGAA GCTGGCCAAG CAGGGCGAGC TGCCCCGGGA GGTGCGCAGG1020
GCCCAGGCCC GGCTCCTCAA CCCTTCTGCA ACAAGGGCCA AGCCCGGGCC CCAGGACACC1080
GTAGAGCGGC CCTTCTACGA CCTCTGGGCC TCAGACAACC CCCTGGACAG GCCGTTGGTT1140
GGCCAGGATG AGTTTTTCCT GGAGCAGACC AAGAAGAAAG GAGTGAAGCG GCCAGCACGC1200
15 CTGCACACCA AGCCGTCCCA GGCGCCCGCC GTGGAGGTGG CGCCTGCCCG AGCTTCCTAC1260
AATCCATCCT TTGAAGACCA CCAGACCCTG CTCTCAGCG CCCACGAGGT GGAGTTGCAG1320
CGGCAGAAGG AGGCGGAGAA GCTGGAGCGG CAGCTGGCCC TGCCCGCCAC GGAGCAGGCC1380
GCCACCCAGG AGTCCACATT CCAGGAGCTG TGCAAGGGGC TGCTGGAGGA GTCGGATGGT1440
GAGGGGGAGC CAGGCCAGGG CGAGGGGCCG GACGGTGGGG ATGCCGAGGT CTGTCCCACG1500
20 CCCGCCCCGCC TGGCCACCAC AGAGAAGAAG ACGGAGCAGC AGCGGCGGCG GGAGAAGGCT1560
GTGCACAGGC TGCGGGTACA GCAGGCCCGG TTGCGGGCCG CCCGGCTCCG GCACCAGGAG1620
CTGTTCCCGC TGCGCGGGAT CAAGGCCAG GTGGCCCTGA GGCTGGCGGA GCTGGCGCGG1680
CGGCAGAGGC GCGGCGAGG GCGGCGGGAG GCTGAGGCTG ACAAGCCCCG AAGGCTGGGA1740
CGGCTCAAGT ACCAGGCACC TGACATCGAC GTGCAGCTGA GCTCGGAGCT GACAGACTCG1800
25 CTCAGGACCC TGAAGCCCGA GGGCAACATC CTTGAGACC GGTTCAAGAG CTTCCAGAGG1860
AGGAATATGA TCGAGCCTCG AGAGAGAGCC AAGTTCAAAC GCAAGTACAA GGTGAAGCTG1920
GTGGAGAAGC GGGCGTTCCG TGAGATCCAG TTGTAGCTGC CATCAGATGC CGGAGACTCG1980
CCCTTCAATA AAAAATCTCT TCTAGCTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAGGCGGCT2040
CGCGATCTAG 2050

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3968 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

55 GGTATTCTTA AAACATAAAG AGGAGAATTA AGTCAGCTGC AGAACAATGG GGCTGATTCT 60
TCTGCTTTTT CTCTGGAAAA TCTTTCATTG CTTTGGTGG AAATTACCT AGAGGTACA 120
ACCACAGGAT GTAGCTTGGT CTCTATTG CTTTGGG AAACCAATTA AGATTAATAC 180
AGGATAAAGG AAAAAAGCAA TCTATTCATT ATATAACACA GTTGTGTTGTA TTAATTGTTC 240

CCTGCAAAGG AAATCTGTTG AATGCTTGCA TTTTGAATTC TTTTCTAATA GAACAACCAA 300
 AAAAGGCTTC TTATGGTGCA GCAGGAAAAA AGATCATTTT TATAGCTTTG CATTCTTAAC 360
 ATAGCATTTA AAGAGCGGCA TGAATTAGAG GAAAGACATG GAACACACAG GTAGTCGGTT 420
 5 TGAGATCATC GGCTTAAAAG TATCCTAGGA TGGTAATGAC CCAGAAGTAT TTCCAGTTGT 480
 CTAGTGGTGT GGTATGCAGG AATGAGAAGT GTTTTCTTTC CATTTCCTGT TGGACAGGTG 540
 GCAATCTTAG CAGAGCCACT ATTTGGAGTT GATAACTAAA GATGCAAATA ACATGACTAT 600
 GCCTTCTGGT CATCCTAGGA CTATTTGGAG TTCTCCAAAA CCTTGTAAGA GGCATGTCAG 660
 GCATGCAGTA AAAGCATCTA CAACTTCAGC TGGGCACTGG CAGCATAGGT CTCATCTTGG 720
 ACCATACAGT CCCACTTTAT AGAAGAGGGT GGAAGTTCTC CAAAACAATA TCCACAACAA 780
 10 AGTCTGACCT CACTCTGAGG GAGATGGGAA GTGGGAGGAA GAAGGACTAA CCAGCTCCCT 840
 GGAGTAAGAG GAATTTGCTT TCCCTGTCTG CCCACCAGGG GCTATATGTG CCACCTTTCA 900
 GGTTGGGGCC AAGGAAGTGA TGTCAGTGTG ACAGAAGGGA GAGTTAGACC TCCAGACGTC 960
 AGCCTCCCTC CCATGGGGTA CATTTTCAAT CTGAGTGTG TTGCCTTAGC TGTGTTGGTA1020
 TTAGCTTGAT TGGTTGGTCC GCTGGTTATG AGGTGTAGGG AGGCAGTTTT TGTTTAGTTTT1080
 15 TTAGGACTTT GCCTCTTCCT TTGTCTTAG CATAATTTCT AGGCAGAGCA TCCACGAAGT1140
 CGGTTTTTCAT TGCCAGCTCA AGAGCGACAA TCATTTACGA GTTCTATGT TATGTTAGGT1200
 GCCTTATGTA TATTATCCCA AATCCACTGC ATGGTTTAAA TACAGGCACT GGAATATAAA1260
 TGAAAAAGGT CATTACAGTC ACTGACTTTC TGCAGGACCT TAAACATTTT TCTTTCCACA1320
 AGTTTCCCTT TAATCATGTG TCAAACCTCT CTTCTGACG GGAATGTTGT GCTATAATGA1380
 20 ATCTGCATAA CGCTTGGGAT TCTAGGAGGA AGGAAGGTTT CATGGACATG TAAGTACAGC1440
 ATATTCCTCT CAGTCTTCTA GGAGGGCAGA GTGAATCCCA GAAGTGGTAA GATTGGGAAT1500
 CTGAGCATTG CCACCTTAAT CTTAGAATAT TTATCATTTT GACACATCCT GTTTTTTAGA1560
 GAGGAAAACA AACACAGTTT CTGCATTGGT AGTGTAAAGC ATACCTTGTT AGGAACGTGT1620
 TTTGTAAGAC ACATTTGGGT TGTCATTCTA GAGCATGTCA AACTTTGTAC TTCAAATAT1680
 25 ATTTAGTATG ATTGTTAGTG GTAACATATA TCAAGGCTTT GAATTAAGT TTTTATTAA1740
 TTTTCACAAG AAGCACTTAT TTTAGCCATA GGAAAACCAA TCTGAGCTAC AAATAGTTCT1800
 TTAAAATAAG CCCAGGTTAT TTAGCTATTC TAGAAAGTGC CGACTTCTTT CAAGAAGCAG1860
 GCATTGTAGG ACAGCTGAGA ATTATCACAT AGCCTAAATT CTAGCCTGGC AGCAAGAGTC1920
 ACATCTGAGA TGTCCAAAAA AAAAAAATAA AAACACCTGA TCTACATTGA AAGGGGGTAG1980
 30 ACTAACGTAT GTGAGACCAT TTTCTTATTT GCAGTTACAA GGTTAAAGAA CTTTGAAGGT2040
 CATTGGGCTG CTAAGAGGCA TGTCGAACAC TCTGTGTGGC TCTTTCACAG TAAACCTCC2100
 TAAGAGCAGA AGACACATGG CTGTTAGTGT CTGCGTTTAG ATTTAATTTT TCAAATAAAG2160
 GCCCTTGGCT GCGTATCATT TCATCCAGTT ATAAACTAGG GCTCCTGCAA GCACCCCCAT2220
 TCTAAGGGTG AATTATTGAA ATCAGTTGCT ATTTGATGAG TCACAAGTGG CCCAGCAGGC2280
 35 AGGGCATTG AAGTCATGGT CATCAAAAAG AAATGATTGT TTTTGAAGAA GCTAAATGCT2340
 TAAAATGCTT CTAGAGGGAA GTCGTGGGGC GTGTGCTCAT TCTCTTTAAA ATCAGGGTTG2400
 TTGAGTTTGT TTTTAAACAT TTTTATAAGT TCATGAGAAA AAATATATAA ATTCTAAGAA2460
 CCAACACTGT ATTTCCAGAA ACATGACCCT CGTGTGCTT GGGTCCACAT ATCATTTGGAC2520
 TCTGGGGGAC ACAAAGATGC CTGTGACACT TTGGTGTGTC CGAGTTAGTC AACAATTATT2580
 40 CTGGGAAAAA GCAGAATTGA ATTCTTCTCT AGATGTCCTA CCAGGGTTGG CCAAGGGGAG2640
 CAAAGCAGGC TAATAAATTC CCACAGGATC CAGACACCAG GCAAAATTGC TCTAAGAAGC2700
 CAGTTACTGT CATCCCTCTA TGGTTCTAGA AAAAATAGTA CAAAAATGAC AGGTATCTCT2760
 ATGAGCGTCA TGCCAATGAA ACCCATCTT CTGGAGAAGC CCTTGAATCA GAATTATCTT2820
 TTTTCTTGAT GTCGTCAGAT GCAGCCAGTT TCTTAATTTT TTTAAAAACT GTATGTTTCT2880
 45 GTGGTATGTA TATTTGTACA CCTAACTACC TGGCACTTGG AAATCACAGC ACTACTCAGA2940
 GGCAATTGAA TAAAGAGAAA TTTAATTTTA AATATCAAGT CCTGTCAAAC ATTTCTCAA3000
 CTTCTGATTT TATCAAAGGT TTGCCAGCCA ATAAAGTGCA TCCAAGTAT ACAGGGGAGA3060
 AAGCTAGACT CCTACAGGGT CTTAGAGTTT AAGTAATTTT TTTGTTATTA ATATAGGTAA3120
 TAATTTTCT AATTTTATTT TTTTGGTTCC AAATGTAAAG CTCCTTGTGT TTACCTCTGT3180
 50 TTATGTCATT CTTGACATGT TTATCTAAAT TATGTGTGCT CTGTGACAGG TGAAATGTAA3240
 ATCTGGGATC CATAGTCAAG ATATCATAAG GACCTACTTC CCAGCCTACC TTTCTTCTC3300
 TACCTGATAA TGATAATACT CAAAATAACA ACATTCAAAAG GAAACACAAA GAAATCCTGC3360
 TTTACATCT CTTATTTCTT GGGCTCCTTA ATAACACTG ATGGTTTGT CATGAAAAAA3420
 AATTTTTTAAA TCAAAAGATT GTACTTGGCC CTGAGTTGAA AAAATTTCAA AAATCAAAAG3480
 55 TTTGTACTTG GCCCTGAGTT GAAAAAATAA ATTCACATTC TAAGAATAAA CAGAAAAATG3540
 TTCTTCTTGG AAGTAAATAA CAAAAGCCAT AGTGTTTTCA TTTGTCTTTT CTTCAGGATA3600
 CACGGTAGAA GTCAGAGAAT CTTGATACT TTTATTTGGT GCAATAATCA AGGCCATGCA3660
 ACAACCCAAA ATCAAGCATT TTGGTTCAAG TCAGGATGAC ATGAGTGGGG ACAGAAGCTG3720
 TGGCAGTCAT TCAAATAATC TCATGGGTCC TGAGGAAAAA ACAGGAGTTA ACGTATTAAG3780
 60 TTTCTACTAT ATGCAGGAAC TGTGTTAAAT ATTTTACATA AGTTTGTATA ATAGCTAACA3840
 TTAGCTGAGC ACAAATTTG GGCCCTGATT TGTCTGAGT ATCTTTCACA GATTACTGCT3900
 TTTAATCAGC AGTCCTTGTG AGCTAGGTAT GATCATTATC CCCATTTATA GATTACGGAT3960
 GAGATTCG

3968

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 329 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNGVGG SGGRSVAVAL VHQHGVRLLG DLQQRVHVGA120
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLE HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180
VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALLQGVPR LLQVFLGLEA RLLQVLAGTH240
LGLLHLLLGE GLLEV VHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SDESSSAAA SSSGRSPSPS300
SSPSFSGSAS DSFSDLMLLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
TWRRRASRPR KTWRRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

KSRRRCQRRR ARSWARASGP RRTORRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60
EGLLQGEDGE DQAYPREPG EDAPQDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120
AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHRDGG GGRRRRRRGRR180
GAGGGRRPAA REQPRRARAA GDHRGVGRRR GGQERQRLSG PRCHPPHSSL LPNFLFRILS240
RLELAEIFLN 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

RPRPWFSQR RGVAAGPHEP PSVLVRVSPS FATSRCAGN WVSLPSGEKP RLWDEDRA 60
REGKVP GCVL SGPALLQDTR WGPCALAGGR LQPPRPNTVF THSLSSCPPV TPSPSPSSH120
HPFRSARAFP EASCDSGRGD TSLRGRPHGV TRPAPMRIR PLHLGALAAR FPLTPLFRVL180
LNSG 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

VKVTILGRGGC NLPPARAQGP QRVSCNNAGP ERTQPGTFPS LAGARSSSHR RGFSPDGRLT 60
QLPAQPRLVA KLGETRTRTD GGSWGPAATP LRWAENQGLG RHPPRAFLLT TGPKSGSMQG120
SAWASTPAGP PDPRAKAVGG TKPRATRGHL HHPLGQGWLRL GTLVSPEDTG GL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

LGSRRREQGP GRMTAALVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPR L CGQLGQPPVR 60
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLHSQSEFL120
SACHALTTLF FQPPFPFRS GLPRSVL 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

QRTFVCLMRA TWVKKLPVNS HHFCPSLGNT FRGQFPKILL KKEFWFCLTL PDEISQRLGP 60
RLSSAYCYTI RLFLLSLIVC NAVTFSECCG DRNMGEKQSG 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

RMRFPPFCVLS QXPQSSQFLL LLCQNPLPLC SYSNLDNGWI SYSPSHRIKL PSLSNQHFFH60
VTQIVSLPCS YLRNTLKK 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

FLRPVKNEIP XLCPEXSTE FTVSTVTVSE SSSTVLILKS RQRMDQLQPF PQNQVAFP 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 728 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

GAACEAETAS SGGRASQPAG MATTAELFEE PFVADEYIER LVWRTPGGGS RGGPEAFDPK 60
RLLEEFVNHI QELQIMDERI QRKVEKLEQQ CQKEAKEFAK KVQELQKSNQ VAFQHFQELD120
EHISYVATKV CHLGDQLEGV NTPRQRAVEA QKLMKYFNEF LDGELKSDVF TNSEKIKEAA180
DIIQKLHLIA QELPFDRESE VKSKIASKYH DLECQLIQEF TSAQRRGEIS RMREVA AVL240
HFKGYSHCVD VYIKQCQEGA YLRNDIFEDA GILCQRVNKQ VGDIFSNPET VLAKLIQNVF300
EIKLQSFVKE QLEECRKSDA EQYLKNLYDL YTRTTNLSSK LMEFNLGTDK QTFLSKLIKS360
IFISYLENYI EVETGYLKS R SAMILQRY YD SKNHQKRSIG TGGIQDLKER IRQRTNLPLG420
PSIDTHGETF LSQEVVVNLL QETKQAFERC HRLSDPSDLP RNAFRIFTIL VEFLCIEHID480
YALETGLAGI PSSDSRNANL YFLDVVQQAN TIFHLFDKQF NDHLMPLISS SPKLSECLQK540
KKEIIEQMEM KLDTGIDRTL NCMIGQMKHI LA AEQKKTDF KPEDENNVLI QYTNACVKVC600
AYVRKQVEKI KNSMDGKNVD TVLMELGVRF HRLIYEHLRQ YSYSCMGGM L AICDVAEYRK660
CAKDFKIPMV LHLFDTLHAL CNLLVVAPDN LKQVCSGEQL ANL DKNILHS FVQLRADYRS720
ARLARHFS 728

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

RKELDSVPTY HLGQVSILMG RLFYPPKKWWL IFYKKPNKPL KDVIGSLILL TYQGMPS EFL 60
PFLWNFYVLS ILIMLWKQDL LEFPLQILGM QIFIFWTLCN RPILFFIFLT NSLMITLCH 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

5 YHWNLEVFGT LPIFGYITNC QHATHTTVGI LSKMLIDKSM KTYSKFHQNC IHILPIHGIF 60
NLLHLFSYVS TDFYTGISIL NQNIVFIFWL KICFLLFCSQ NMLHLSNHTI 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

10 (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

25 AAQAEAADRD AAAAGGGGRR HCERGEAAAQ GEPQHELAGH AALHAAPARD HPOAGQORVGA 60
LPAGEQDPEP DSRHAAAGQQ VQGPQAQVPA PGHTGPQPIR DHRAVEEHCO RVPSARPVPQ120
XPPAAPPRVY QPPTYNRIIN QISTNEIQSD QNLKVLPPPL PTMPTLTSLP SSTDKPSGPW180
RDCLQALEDG HDTSSIYLK PENTNRLMQV WCDQRHDPGG WTVIQRRLDG SVNFFRNWET240
30 YKQGFGNIDG EYWLGLENIY WLTNQGNKYK LVTMEDWSGR KVFAEYASFR LEPSEYYKL300
RLGRYHGNAG DSFTWHNGKQ FTTLD RDHDV YTGNC AHYQK GGWWYNACAH SNLNGVWYRG360
GHYRSRYQDG VYWAEFRGGS YSLKKVMMI RPNPNTFH 398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

35 (A) LÄNGE: 338 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

VRASSELSPV DSVLVAAPVM APAVPDPVEV GVGTVGIPPA SLLVVGTVSC VDIMISVQGG 60
ELLAVVPCKG VTRIAMVAPQ POLIILALRF QAETGVFCKD FAAGPVLHGH QEFVVALVRQ120
PVNVLQAQPV FAINVPKPLL VRLPVPEEVN RAIQASLDDG PAPGVVSLVA PHLHEAVGV180

RLHQVDGAGV VAILQGLQAV SPWARRLVGG RWEAGESGHS GQRGWQHLQV LVTLDLVGRD240
LVDDAVVGGW LVDPGRGSGG XLGDGPGRGH PLAVLLNCAM ISDWLWASVA RCWYLCRSRL300
YLLASCSMSA VWFRIFFSSW ESSNALSRLR MISCRSCM 338

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

ILFTKNNHHF ARTMRPLCVT CWWLGLLAAM GAVAGQEDGF EGTEEGSPRE FIYLNRYKRA 60
GESQDKCTYT FIVPQQRVTG AICVNSKEPE VLENRVHKQ ELELLNNELL KQKRQIETLQ120
25 QLVEVDGGIV SEVKLLRKES RNMNSRVTLQ YMQLLHEIIR KRDNALELSQ LENRILNQTAL180
DMLQLASKYK DLEHKYQHLLA TLAHNQSEII AQLRSTARGC PRPGSPSPXP PLPRPGSTNH240
PPTTASSTRS LPTRSRVTRT 260

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 491 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

LLNSFSAAGS ARQDGGRRQW RWWEAQSKSD AD SGFLGLRP TSVDPALRRR RRGPRNKKRG 60
WRRLAQEPLG LEVDQFLEDV RLQERTSGGL LSEAPNEKLF FVDTSKEKG LTKKRTKVQK120
KSLLLKKPLR VDLILENTSK VPAPKDVLAH QVPNAKKLRR KEQLWEKLAK QGELPREVRR180
50 AQARLLNPSA TRAKPGPQDT VERPFYDLWA SDNPLDRPLV GQDEFFLEQT KKKGVKRPAR240
LHTKPSQAPA VEVAPAGASY NPSFEDHQT LLSAAHEVELQ RQKEAEKLER QLALPATEQA300
ATQESTFQEL CKGLLEESDG EGEPGQEGEP DGGDAEVCPT PARLATTEKK TEQQRREKA360
VHRLRVQQA LRAARLRHQE LFPLRGIIKAQ VALRLAELAR RQRRRQARRE AEADKPRRLG420
RLKYQAPDID VQLSSELTD LRTLKPEGNI LRDRFKSFQR RNMIEPRERA KFKRKYKVKL480
55 VEKRAFREIQ L 491

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

RSRAALFFLF FFFSARRDFL LKGESPASDG SYNWISRNAR FSTSFTLYLR LNLALSRGSI 60
IFLLWKLLNR SRMLPSGFR VLSESVSSEL SCTMSGAWY LSRPSLRGLS ASASRRACRR120
LCRRASSASL RATWALIPRS GNSSWCRSRA ARNAACCTRS LCTAFSRRRC CSVFFSVVAR180
RAGVGQTSAS PPSGPSPWPG SPSPSDSSSS PLHSSWNVDS WVAACSVAGR ASCRSSFSAS240
FCRCNSTSWA AESRVWSSK DGL 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

WQLQLDLTER PLLHQHLVL AFELGSL SRL DHIPPLEALE PVSKDVALGL QGPERVCQLR 60
AQLHVDVRCL VLEPSQPSGL VSLSLPPRLP PPLPPRQLRQ PQHGLGLDPA QREQLLVPEP120
GGPQRGLLYP QPVHSLPPPP LLLRLLLCGG QAGGRGTDLG IPTVRPLALA WLPLTIRLLQ180
QPLAQLLECG LLGGGLLRGG QGQLPLQLLR LLLPLQLHLV GR 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCF CGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTORQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTS D FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPOSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60
TGHPSVMMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

ITKAIVFSFV FSSGYTVEVR ESLILLFGAI IKAMQQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60
NLMGPEEKTG VNVLSFYMQ ELC 83

5

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.

3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1-62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1-62 Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID Nos. 1-62 und Seq. ID Nos. 121 - 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 63-117 und und Seq. ID Nos. 131-151.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und und Seq. ID Nos. 131-151, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID No. 121 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können.

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-20 und Seq. ID Nos. 121 - 127 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Uterustumor.

31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151.

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID No. 121 bis Seq. ID No. 127.

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

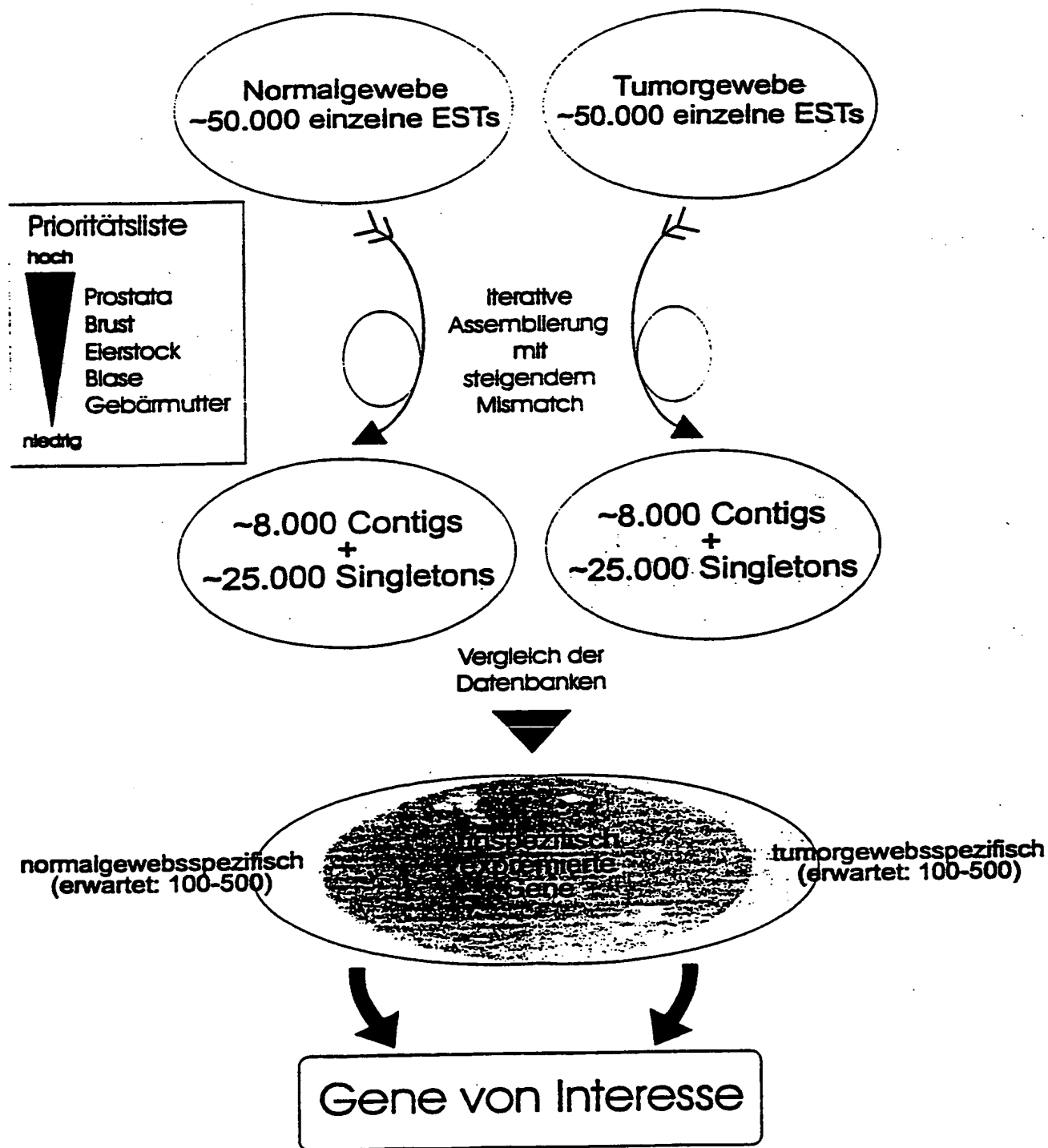


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

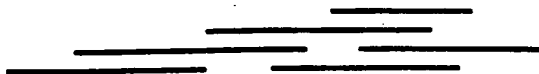
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)



Contigs



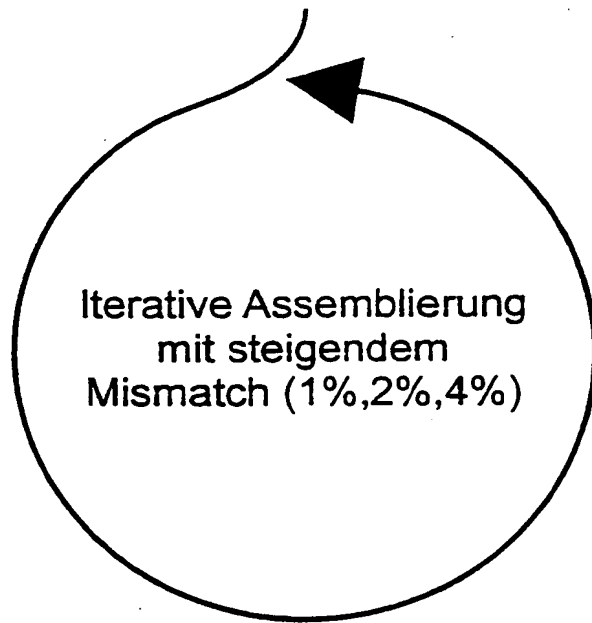
Singletons



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung
mit steigendem
Mismatch (1%,2%,4%)



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



**~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe**

Fig. 2a

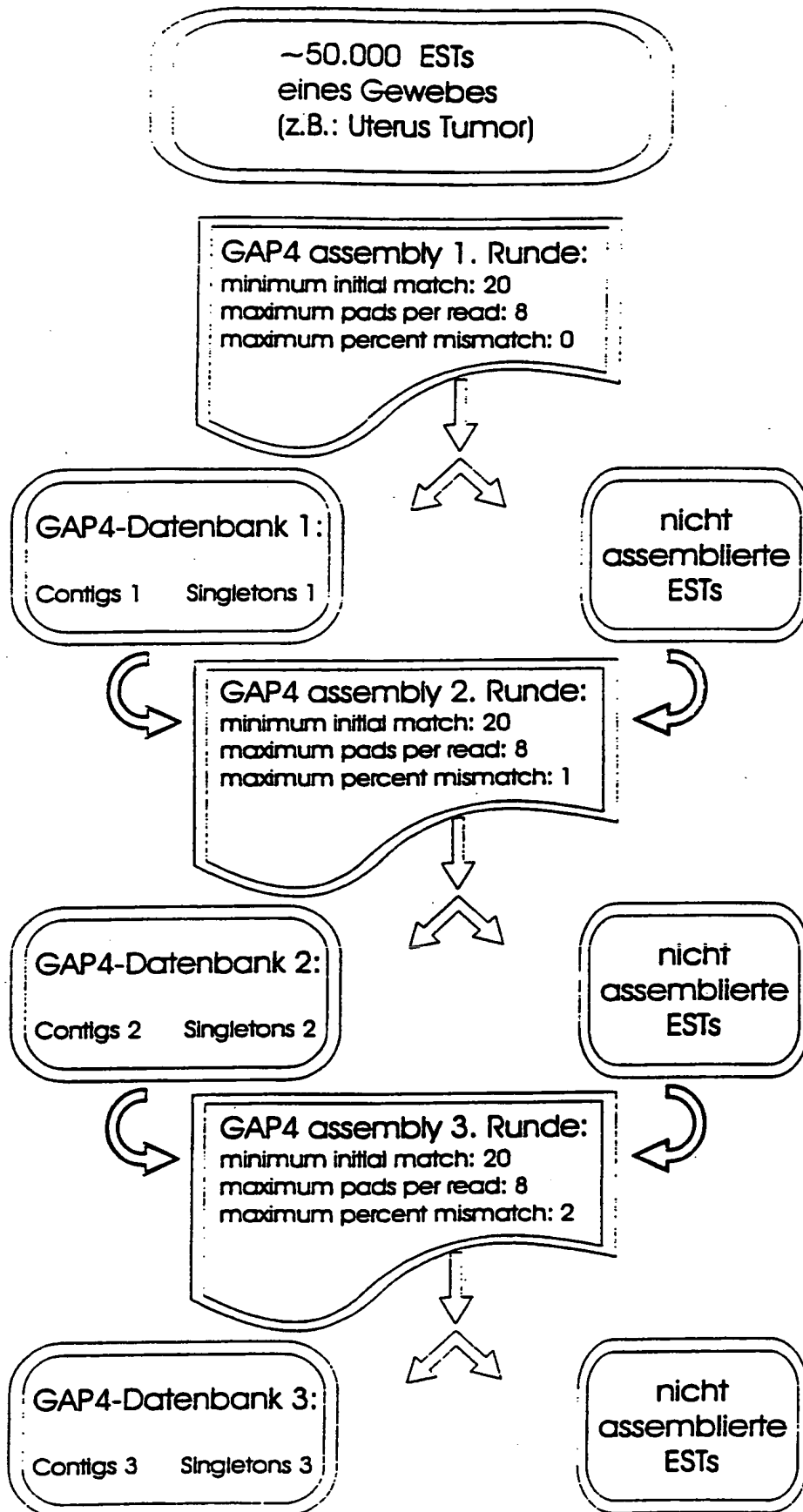


Fig. 2b1

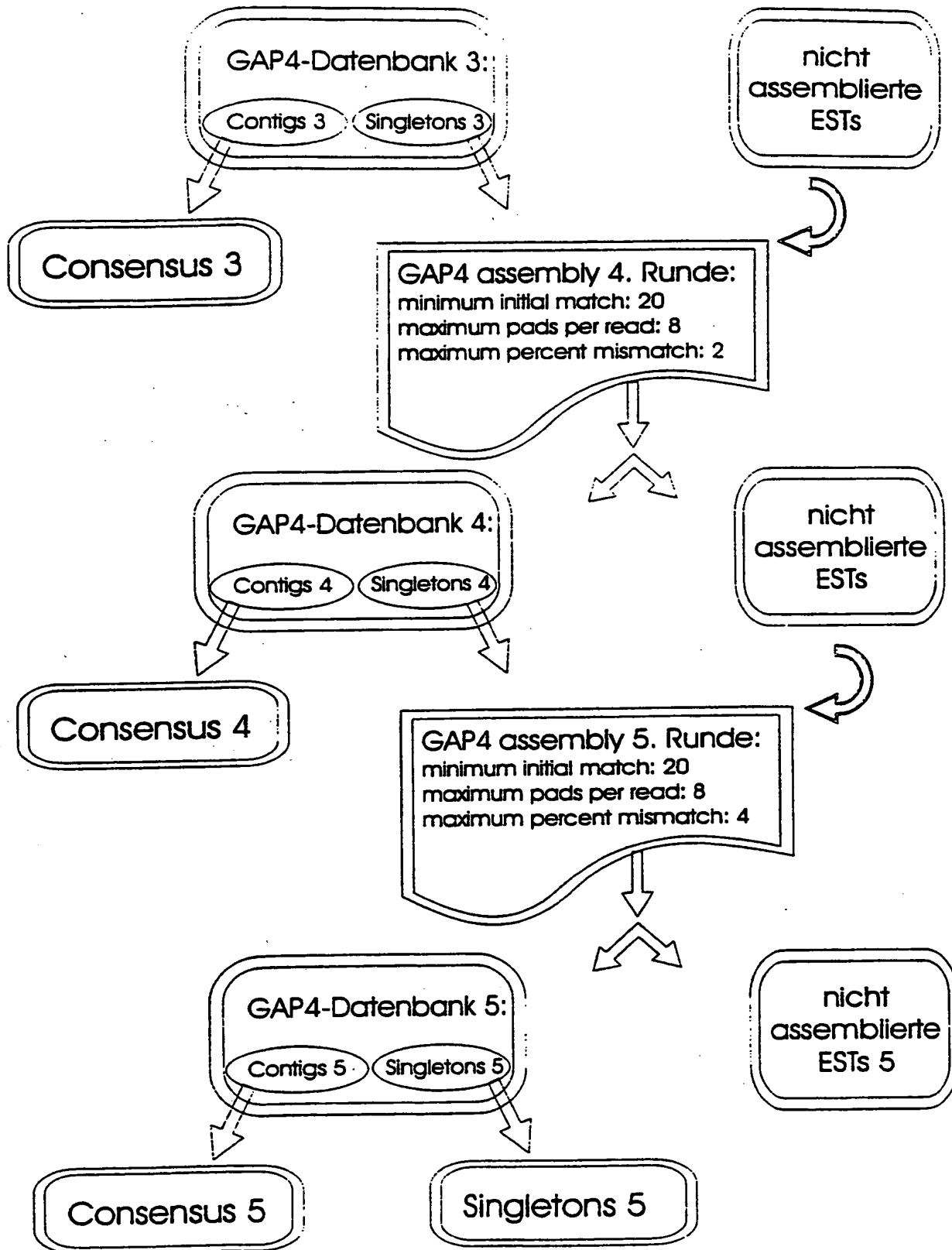


Fig. 2b2

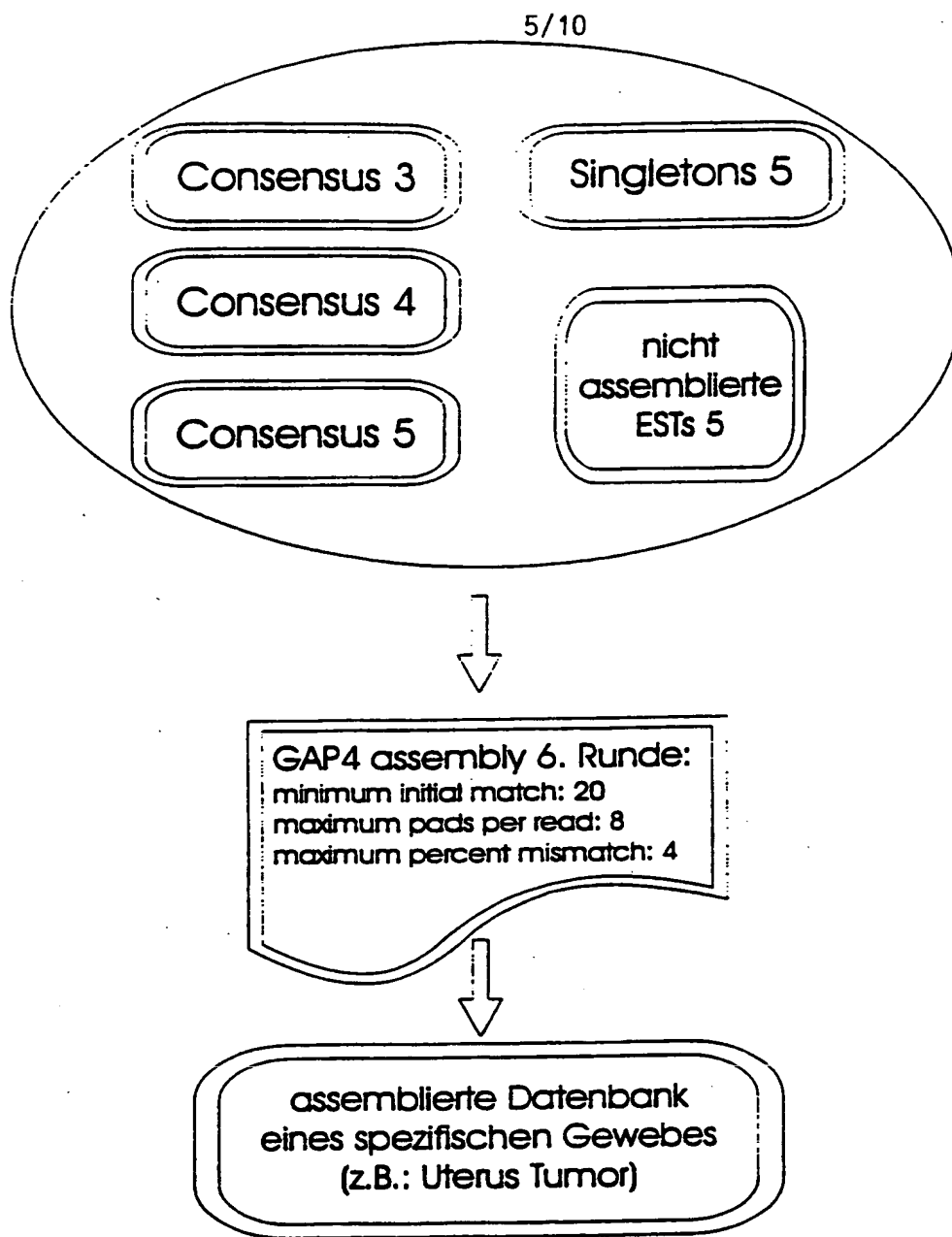


Fig. 2b3

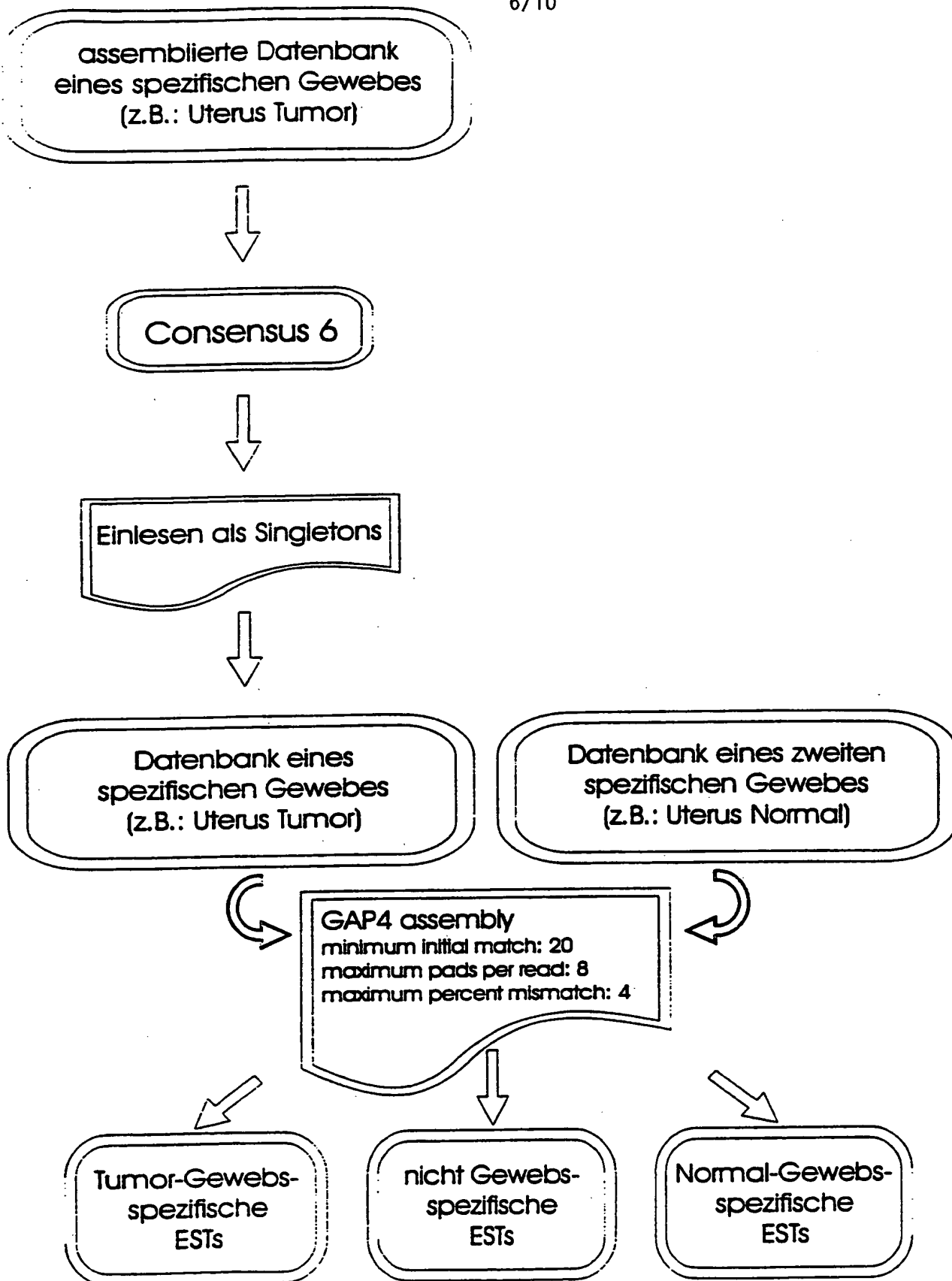
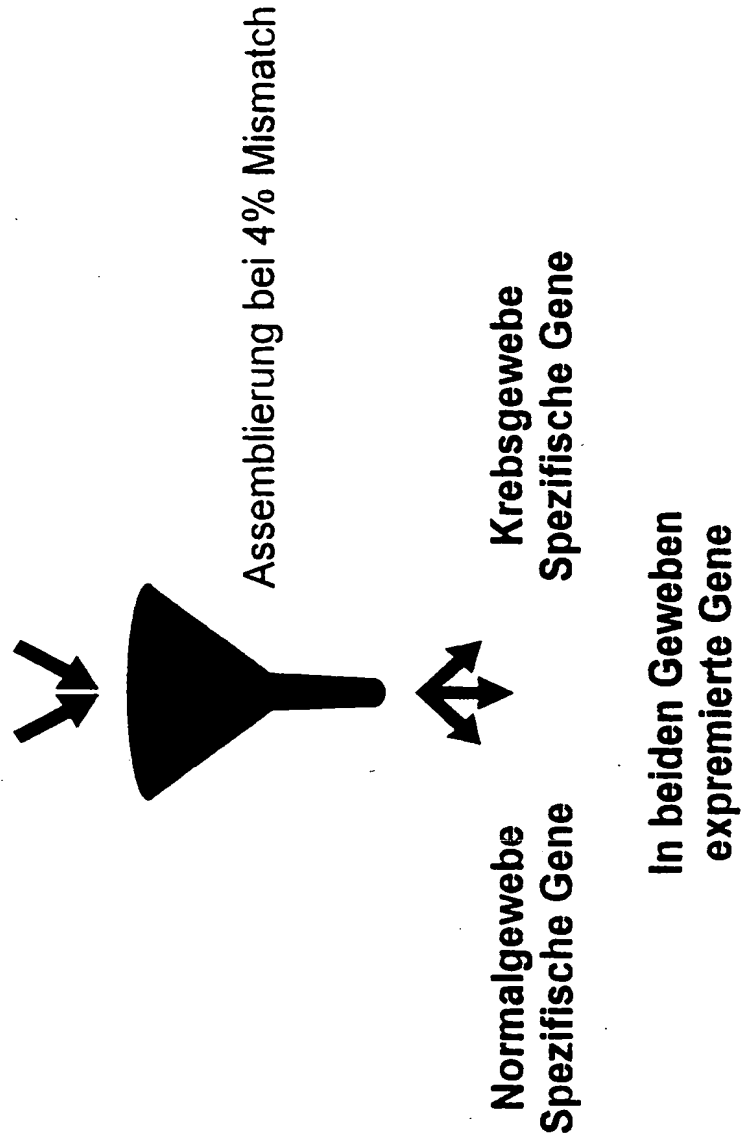


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe



metaGen
Genbank für die Genexpression

Fig. 3

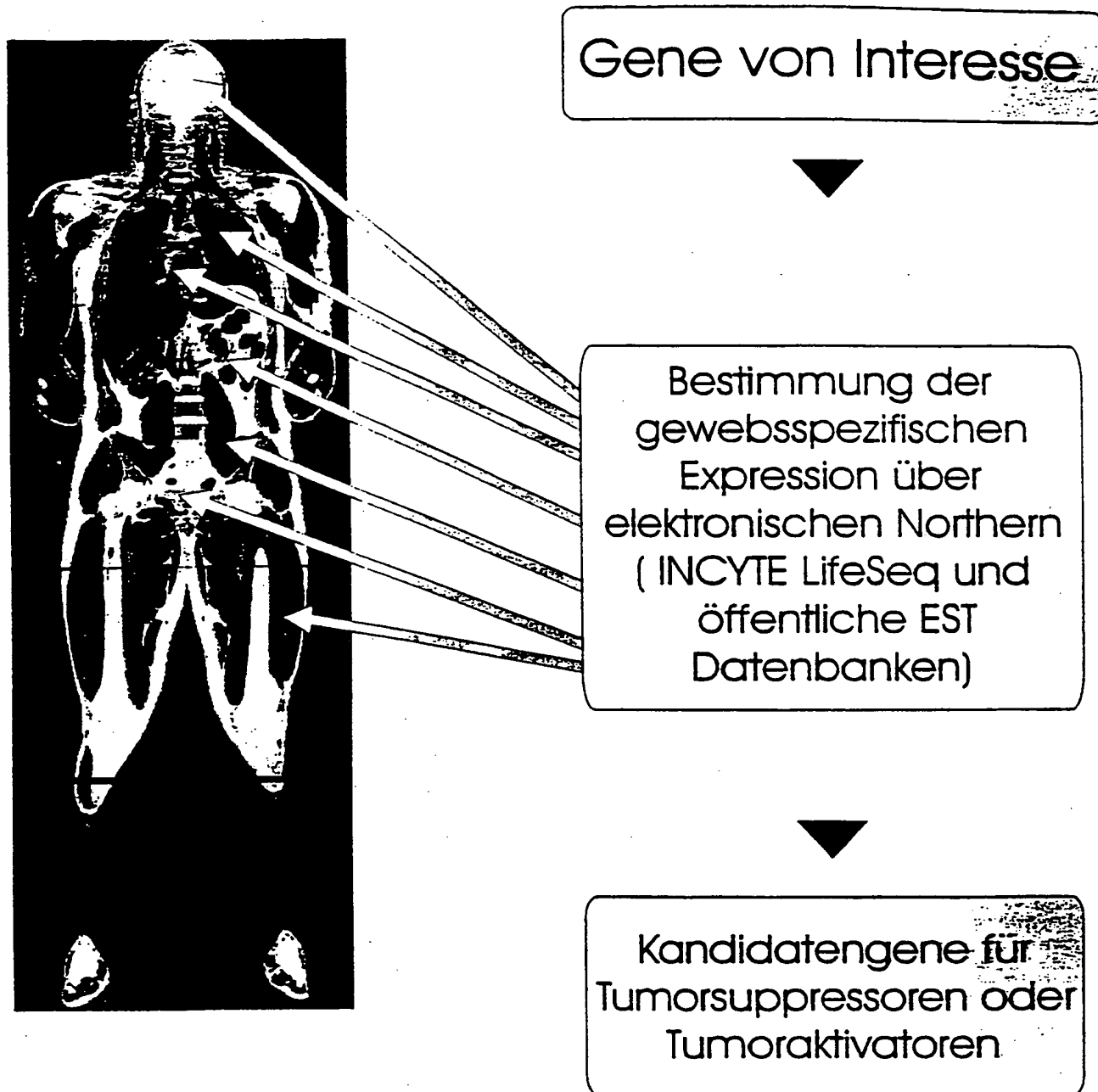


Fig. 4a

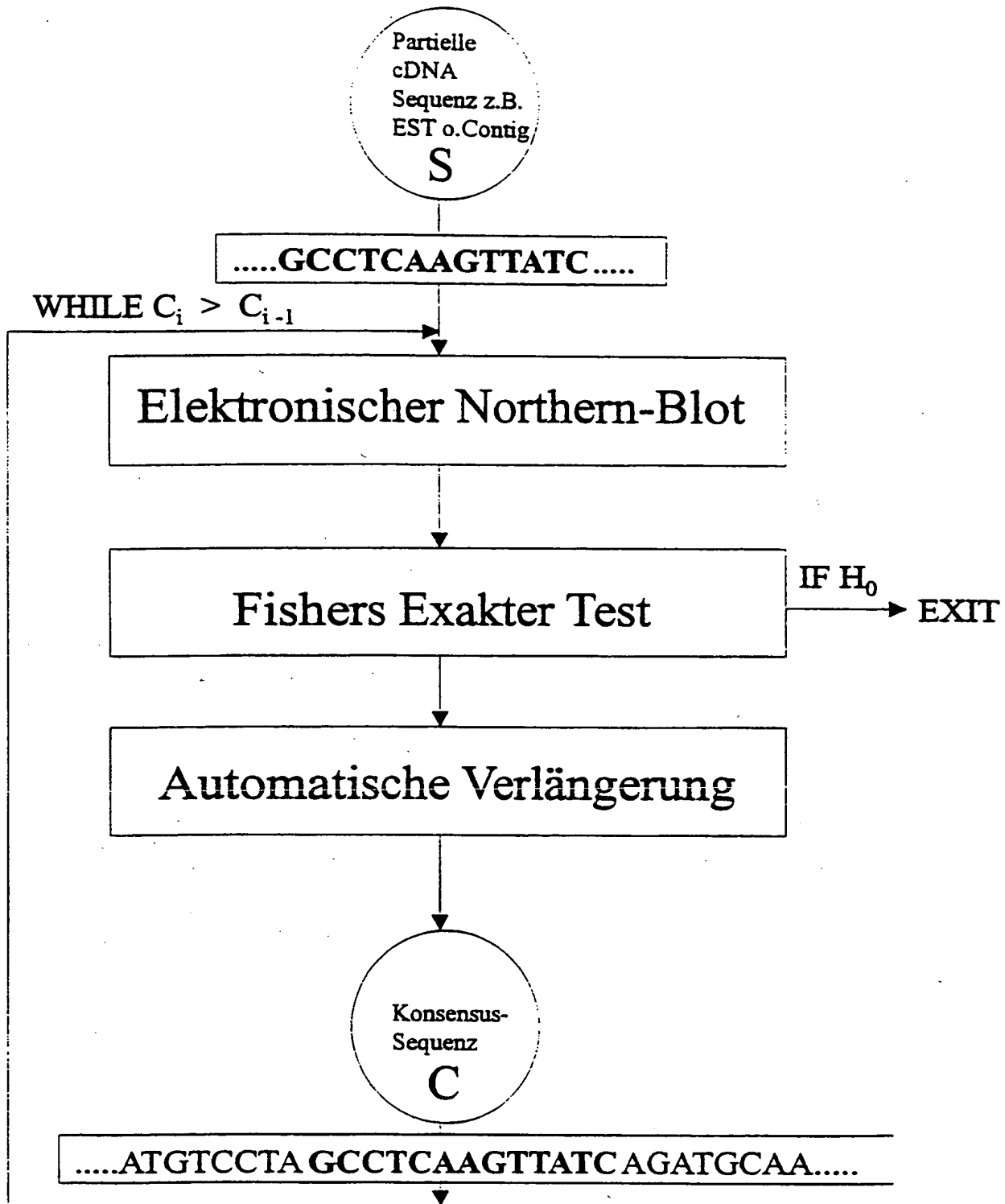


Fig. 4b

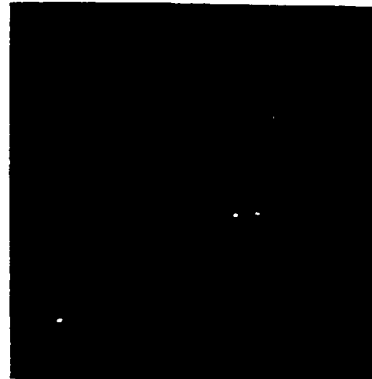
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

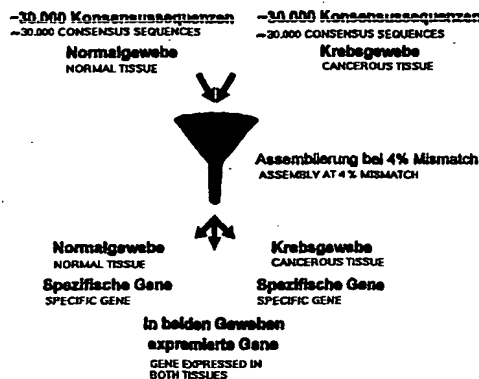


(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00	A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54353 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01175 (22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 946.4 17. April 1998 (17.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i> (88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenbe- richts: 20. Juli 2000 (20.07.00)

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL UTERUS TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS UTERUSNORMALGEWEBE

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
 IN SILICO SUBTRACTION OF GENE EXPRESSION IN VARIOUS TISSUES



(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of normal uterus tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshjan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01175

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/21 C12N5/10
C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C12Q1/68
G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project - unpublished" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 7 September 1996 (1996-09-07), XP002129529 heidelberg, germany accession no.AA044253	1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38
X	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 14 May 1997 (1997-05-14), XP002129530 heidelberg, germany accession no.AA418945	1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38

-/--

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

- "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- "E" earlier document but published on or after the international filing date
- "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- "T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- "Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- "Z" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

3 February 2000

Date of mailing of the international search report

08.05.2000

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Holtorf, S

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Application No

PCT/DE 99/01175

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 11 June 1997 (1997-06-11), XP002129531 heidelberg, germany accession no. AA451994 ---	1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38
A	CRESCENZI, E., ET AL.: "identification of differentially expressed mRNAs in normal and neoplastic (adenocarcinoma) human endometrium" GYNECOLOGIC ONCOLOGY, vol. 63, November 1996 (1996-11), pages 228-233, XP000874036 the whole document ---	1-38
A	WANG, Y. AND MIKSICEK, R.J.: "characterization of estrogen receptor cDNAs of human uterus: identification of a novel PvuII polymorphism" MOLECULAR AND CELLULAR ENDOCRINOLOGY, vol. 101, 1994, pages 101-110, XP000874034 the whole document ---	1-38
A	WO 93 24655 A (AMERSHAM INT PLC ;CHENCHIK ALEXANDER ANATOLJEVIC (RU); DIACHENKO L) 9 December 1993 (1993-12-09) the whole document ---	1-38
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 23, 1995, page 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 cited in the application the whole document ---	1-38
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 cited in the application the whole document ---	1-38
A	FANNON M R: "Gene expression in normal and disease states - identification of therapeutic targets" TRENDS IN BIOTECHNOLOGY,GB,ELSEVIER PUBLICATIONS, CAMBRIDGE, vol. 14, no. 8, 1 August 1996 (1996-08-01), pages 294-298, XP004035748 ISSN: 0167-7799 ---	1-38

-/--

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern: al Application No

PCT/DE 99/01175

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
P,X	JANSA,P., ET AL.: "cloning and functional characterization of PTRF, a novel protein which induces dissociation of paused ternary transcription complexes" THE EMBO JOURNAL, vol. 17, no. 10, 15 May 1998 (1998-05-15), pages 2855-2864, XP002129532 the whole document	1,2, 5-20,23, 24,26, 29,34,38
E	--- WO 99 55858 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 4 November 1999 (1999-11-04) see SEQID 63 page 71	1-26,29, 32-38
T	--- SCHMITT AO. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumour tissues." NUCLEIC ACID RESEARCH, vol. 27, no. 21, November 1999 (1999-11), pages 4251-4260, XP002129533 the whole document -----	1-38

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/ 01175

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

see Invention 1.

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE99/01175

The International Search Authority found that this international application contains multiple inventions as follows :

Invention No. 1 : Claims Nos. 1-38 (all in part)

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID 1, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, in addition to a host cell containing this sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment coded by the SEQ ID 1 sequence. Polypeptide (partial) sequences relating to SEQ IDs 63-65 (table 2) and the uses thereof. Medicament containing at least one polypeptide (partial) sequence relating to SEQ IDs 63-65.

Inventions Nos. 2-27 : Claims Nos 1-38 (all in part)

As for Invention No. 1 but relating to nucleic acid sequences SEQ IDs 2-20 and 121-127 and the corresponding polypeptide partial sequences as described in table 2 or in the sequence protocol.

Inventions Nos. 28-69 : Claims Nos. 3,4, 5-22, 28-38 (all in part)

Nucleic acid sequences respectively relating to SEQ IDs 21-62 ; BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, , in addition to a host cell containing this sequence. . Uses of said nucleic acid sequences and method for the production of a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment coded by the sequences according to SEQ ID 21-62.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/DE 99/01175

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9324655 A	09-12-1993	EP 0642590 A US 5665544 A	15-03-1995 09-09-1997
WO 9955858 A	04-11-1999	DE 19820190 A	04-11-1999

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01175

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/21 C12N5/10
 C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C12Q1/68
 G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPC 6 C12N C07K C12Q

Recherchierte, aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project - unpublished" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 7 September 1996 (1996-09-07), XP002129529 heidelberg, germany beitritt no.AA044253	1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38
X	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 14 Mai 1997 (1997-05-14), XP002129530 heidelberg, germany beitritt no.AA418945	1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38

☒ W itere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen☒ Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen:

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" Kines Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

03 Februar 2000 (03.02.00)

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

08 Mai 2000 (08.05.00)

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Bevollmächtigter Bediensteter

Telefaxnr.

Telefonnr.

C (Fortsetzung). ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 11 Juni 1997 (1997-06-11), XP002129531 heidelberg, germany beitritt no. AA451994 ---	1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38
A	CRESCENZI, E., ET AL.: "identification of differentially expressed mRNAs in normal and neoplastic (adenocarcinoma) human endometrium" GYNECOLOGIC ONCOLOGY, vol. 63, November 1996 (1996-11), pages 228-233, XP000874036 das ganze dokument ---	1-38
A	WANG, Y. AND MIKSICEK, R.J.: "characterization of estrogen receptor cDNAs of human uterus: identification of a novel PvuII polymorphism" MOLECULAR AND CELLULAR ENDOCRINOLOGY, vol. 101, 1994. Seiten 101-110, XP000874034 das ganze dokument ---	1-38
A	WO 93 24655 A (AMERSHAM INT PLC ;CHENCHIK ALEXANDER ANATOLJEVIC (RU); DIACHENKO L) 9 Dezember 1993 (1993-12-09) das ganze dokument ---	1-38
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 23, 1995, Seite 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 zitiert im application das ganze dokument ---	1-38
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 zitiert im application das ganze dokument ---	1-38
A	FANNON M R: "Gene expression in normal and disease states - identification of therapeutic targets" TRENDS IN BIOTECHNOLOGY,GB,ELSEVIER PUBLICATIONS, CAMBRIDGE, vol. 14, no. 8, 1 August 1996 (1996-08-01), Seiten 294-298, XP004035748 ISSN: 0167-7799 ---	1-38

-/--

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01175

C (Fortsetzung). ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
P,X	JANSA, P., ET AL.: "cloning and functional characterization of PTRF, a novel protein which induces dissociation of paused ternary transcription complexes" THE EMBO JOURNAL, vol. 17, no. 10, 15 Mai 1998 (1998-05-15), seiten 2855-2864, XP002129532 das ganze dokument ---	1,2, 5-20,23, 24,26, 29,34,38
E	WO 99 55858 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 4 November 1999 (1999-11-04) siehe SEQID 63 seite 71 ---	1-26,29, 32-38
T	SCHMITT AO. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumour tissues." NUCLEIC ACID RESEARCH, vol. 27, no. 21, November 1999 (1999-11), seiten 4251-4260, XP002129533 das ganze dokument -----	1-38

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/ 01175

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich

3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

siehe Erfindung 1.

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

Erfindung 1: Ansprüche 1-38 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID 1, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID 1 Sequenz kodiert wird. Polypeptid(teil)sequenzen sich beziehend auf SEQ IDs 63 bis 65 (Tabelle 2) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid(teil)sequenz sich beziehend auf SEQ IDs 63 bis 65.

Erfindungen 2 bis 27: Ansprüche 1-38 (alle teilweise)

Wie für Erfindung 1. aber bezogen auf die Nukleinsäuresequenzen SEQ IDs 2-20 und 121-127 den korrespondierenden Polypeptid(teil)sequenzen wie in der Tabelle 2 oder dem Sequenzprotokoll beschrieben.

Erfindungen 28 bis 69: Ansprüche 3,4,5-22,28-38 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenzen sich respectiv beziehend auf SEQ IDs 21-62; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenzen enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenzen und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von den Sequenzen gemäss SEQ ID 21-62 kodiert wird.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT
Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01175

Im Recherchenbericht angeführtes Patentedokument		Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie		Datum der Veröffentlichung
WO 9324655	A	09-12-1993	EP	0642590 A	15-03-1995
			US	5665544 A	09-09-1997

WO 9955858	A	04-11-1999	DE	19820190 A	04-11-1999
